

AN



**PCT**  
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b>  <b>C12N 15/00</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040</b>  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 21. Oktober 1999 (21.10.99)		
<table style="width: 100%; border: none;"> <tr> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01087  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 7. April 1999 (07.04.99)   <b>(30) Prioritätsdaten:</b>            198 17 557.4      9. April 1998 (09.04.98)      DE   <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).   <b>(72) Erfinder; und</b>  <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).         </td> <td style="width: 50%; vertical-align: top; padding: 5px;"> <b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).   <b>Veröffentlicht</b>  <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i> </td> </tr> </table>			<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01087 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 7. April 1999 (07.04.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 17 557.4      9. April 1998 (09.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01087 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 7. April 1999 (07.04.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 17 557.4      9. April 1998 (09.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>			
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE  <b>(57) Abstract</b>  <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.</p> <b>(57) Zusammenfassung</b>  <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>				

325

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland		
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer



dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

45

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

10

15

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## 20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

30

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

35

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## 45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

50

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in  
15 verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### Beispiel 1

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
40	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
45	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
50	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
55	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
10	Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
15	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
20	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
25	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
35	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
40	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0000
45	Uterus_n	0.0083

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust 0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
15	Duennndarm 0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
	Gastrointestinal 0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn 0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
20	Haematopoetisch 0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz 0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
	Hoden 0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
25	Lunge 0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere 0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas 0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
30	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium 0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
35	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0297			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095			
40	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
45	Entwicklung 0.0696			
	Gastrointestinal 0.0167			
	Gehirn 0.0626			
	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
50	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0285			
	Lunge 0.0072			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
55	Placenta 0.0303			
	Prostata 0.0997			
	Sinnesorgane 0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
60	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
65	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0000			



5           Gastrointestinal 0.0000  
           Haematopoetisch 0.0000  
           Haut-Muskel 0.0097  
           Hoden 0.0000  
           Lunge 0.0000  
           Nerven 0.0010  
           Prostata 0.0000  
           Sinnesorgane 0.0155  
 10          Uterus\_n 0.0000

### 2.1.3

15   Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID  
      No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe  
      vorkommt.

20   Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
30	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
55		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			

Placenta 0.0000  
 Prostata 0.0000  
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
 %Haeufigkeit

Brust 0.0136  
 Eierstock\_n 0.0000  
 Eierstock\_t 0.1418  
 10 Endokrines\_Gewebe 0.0000  
 Foetal 0.0047  
 Gastrointestinal 0.0244  
 Haematopoetisch 0.0000  
 15 Haut-Muskel 0.0000  
 Hoden 0.0154  
 Lunge 0.0000  
 Nerven 0.0000  
 Prostata 0.0137  
 20 Sinnesorgane 0.0000  
 Uterus\_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

FOETUS  
 %Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000  
 Gastrointestinal 0.0083  
 65 Gehirn 0.0125  
 Haematopoetisch 0.0157  
 Haut 0.0000  
 Hepatisch 0.0000

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
5	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0026		0.0113		0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031		0.0331		0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000		0.0182		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0139		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030		0.0010		2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0062		0.0123		0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0163		0.0205		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017		0.0055		0.2991	3.3428
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0120					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
65	Uterus_n	0.0042					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0179		0.6538	1.5296
	Brust	0.0307		0.0226		1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0215		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0090		0.0338		0.2657	3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0050		0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0192		0.0185		1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074		0.0133		0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0257		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
	Herz	0.0148		0.0137		1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0353		0.0164		2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.0387		0.0077		5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154		0.0120		1.2850	0.7782
	Niere	0.0163		0.0274		0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0198		0.0166		1.1966	0.8357
	Penis	0.0090		0.0267		0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196		0.0064		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338		0.0000		undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182					
	Zervix	0.0426					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0056					
45	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0249					
	Lunge	0.0181					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0126					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.1595					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
	Gastrointestinal	0.0244					
70	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0164					
75	Nerven	0.0110					
	Prostata	0.0274					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0458					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000		
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946		
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef		
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef		
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630		
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600		
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef		
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000		
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0319					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0251					
50							
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0203					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0128					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0259					
65	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0333					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duennndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
15	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
20	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0626			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0650			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0333			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0019		0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0037		0.0010		3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0052		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0042					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0130	0.0000	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0235	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0260	0.0000	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefasse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
50	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duennndarm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
	Gehirn	0.1189			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0150		0.0000	undef
	Duendarm	0.0675		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0208		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153		0.0139		1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022		0.0154		0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0323		0.0000	undef
15	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	6.3239		0.7179		8.8087	0.1135
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0077		0.5085	1.9666
	Brust	0.0064		0.0075		0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0245		0.0165		1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090		0.0520		0.1727	5.7908
	Endokrines Gewebe	0.0085		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153		0.0324		0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044		0.0123		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381		0.0970		0.3922	2.5500
15	Herz	0.0074		0.0137		0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0052		0.0082		0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0163		0.0616		0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396		0.0055		7.1795	0.1393
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0528		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153		0.2863		0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0319					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0122
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäßes	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duennndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duennndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
15	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.2302			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1632			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duennndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
25	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1084			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duennndarm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
65	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
10	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
45	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0628			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.1220			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
	Nerven	0.0502			
65	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0341			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duenn darm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duenn darm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duennndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1381			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn 0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	_Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

	Brust	0.0340
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083		
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef		
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef		
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000		
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef		
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0735	
60	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0000	
65	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
35	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
65	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
75	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0876			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1130			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0402			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duendarm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222		
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858		
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309		
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018		
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964		
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483		
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737		
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020		
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808		
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371		
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035		
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282		
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0188					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0185					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
65	Nerven	0.0131					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0125					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0408			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0409		0.2860	3.4963
	Brust	0.0256		0.0376		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0090		0.0390		0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477		0.0702		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479		0.0231		2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229		0.0349		0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0624		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0259		0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0230		0.0468		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270		0.0491		0.5504	1.8170
	Magen-Speiserohre	0.0387		0.0230		1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377		0.0840		0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462		0.0411		1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116		0.0276		0.4188	2.3877
	Penis	0.0150		0.0533		0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283		0.0490		0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541		0.0528		1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305		0.0272		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
	Prostata-Hyperplasie	0.0386					
	Samenblase	0.0267					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0611					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0157					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0320					
	Lunge	0.0397					
45	Nebenniere	0.0507					
	Niere	0.0247					
	Placenta	0.0303					
	Prostata	0.1247					
	Sinnesorgane	0.0377					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0038		0.0038		1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061		0.0165		0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030		0.0208		0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102		0.0025		4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0046		1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030		0.0031		0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0073		0.0123		0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017		0.0055		0.2991	3.3428
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0021		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078					
	Zervix	0.0000					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.1053		0.1125		0.9361	1.0683
	Brust	0.1164		0.1015		1.1468	0.8720
	Duenndarm	0.0491		0.0662		0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479		0.1015		0.4723	2.1173
	Endokrines_Gewebe	0.0562		0.0251		2.2415	0.4461
10	Gastrointestinal	0.1015		0.1758		0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296		0.1273		0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.2166		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809		0.1035		0.7813	1.2800
15	Herz	0.4133		0.2612		1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748		0.0468		1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506		0.1227		1.2278	0.8145
	Magen-Speiseroehre	0.2126		0.1073		1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805		0.1680		0.4793	2.0863
20	Niere	0.0543		0.0890		0.6100	1.6393
	Pankreas	0.0562		0.1712		0.3281	3.0479
	Penis	0.1497		0.2399		0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850		0.0362		2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457		0.1019		0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991					
	Prostata-Hyperplasie	0.0832					
	Samenblase	0.0801					
30	Sinnesorgane	0.1059					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720					
	Zervix	0.0639					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef		
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985		
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000		
	Duenn darm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625		
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737		
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000		
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0040					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
35	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0098					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0030					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0121					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075	4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801	0.6756
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234	0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5666	1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206	0.9799
20	Niere	0.0157	0.0145	1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0069			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037	0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907	0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466	0.9555
	Duennndarm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539	3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091	0.0412	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050	0.9049
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0384	0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537	0.0289	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109	1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498	1.0528
	Duennndarm	0.0247	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354	4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0128	2.8338	0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895	1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duennndarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499	1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934	0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504	0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0426	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0246	0.0145	1.7022	0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066	3.2617
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112	1.4061
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408	0.5745
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893	1.2669
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0320	0.2267	4.4110
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627	1.7770
	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453	1.1830
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836	5.4469
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068	0.2852
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208	1.3873
	Duennndarm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889	2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961	0.5896
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538	0.6047
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0193	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573	1.0446
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086	1.6431
	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353	7.3931
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen *C<sub>i</sub>* (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if *H<sub>0</sub>* Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while *C<sub>i</sub>* > *C<sub>i-1</sub>*; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits  
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

10

#### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,  
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer  
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB),  
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap  
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der  
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone  
 (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,  
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit  
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek  
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)  
 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer  
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA  
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die  
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der  
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse  
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit  
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.  
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen  
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.  
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11				
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542,2540,2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumorgewebe überexprimiert	P52rIPK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	Cda1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH:SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13 - q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWP		
38	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	siSG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDA16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21-p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	siSG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429
52	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovartumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089;;Cda01g10; D16S419-D16S415



Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tetrapeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredoxin	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131; stSG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477; WI-14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164; WI-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G_PROTEIN_RECEPT OR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTi;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602/WI-2775,WI-7265)
108	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal_histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Icn protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;; WI-30446
115	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-GI	NLS_BP; GSHIPx	14q24.1	
120	in Ovariumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovariumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-  
s 307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

**Sequenzprotokoll****(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**5      **(i) ANMELDER:**

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10      (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG:    Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
                                  Ovartumorgewebe

20      (iii) Anzahl der Sequenzen:   284

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

25      (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**

30      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
                  hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45      (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5  cgggatttta cccgggttta aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
   tatgggtagg tccgggttttc caacttgga aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
   ataaattttc cagcgggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
   ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagttaaag 240
10 ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttccccaat tacaactgg 300
   ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atggtcaact 360
   gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaaacta actatatgta 420
   ttttaactta gttttaatat ttctattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
   agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
15 aaagcacatt tgggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattaggtt caaattataa 600
   ctgattttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtctt gagtttccca ttttaaaatc 660
   taaactagac atcttaattg gtgaaagtgt tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
   gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
   gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
20 catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
   gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
   gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgaagg 1020
   ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaaatttc 1080
   ctgattgctt attatttggg tgaagtgtga gtattccaca gaaagtgtga attatctctt 1140
25 ctctcttctt ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcaccal 1200
   cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc 1260
   tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc 1320
   acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttta aaatattggal 1380
   catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattgggtt tcacatatac ttctaaaagal 1440
30 aactttttat ttataagagt tacttttttg ataagattta ttaatctcag ttacctacta 1500
   ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaacttg tgctgggtgt 1560
   ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actgggtgcta atgtctaata taattttata 1620
   tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgaccatttg 1680
   ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtggt tttagacttt tcaagtatct 1740
35 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat 1800
   agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgcca tccattgctg tctgagagag 1860
   caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg 1920
   tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgccctctag ttcactttgt gtcaagagct 1980
   aaaactgtga acctaacttt ctcttattgg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt 2040
40 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt 2100
   gtttcctggt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt 2160
   ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact 2220
   tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaatccaa 2280
   ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgtaggc agatgcactt ttttgataa 2340
   tggaaggtta agcataccga atgctacttt tgggtgacaa acgggcctaa tagtccgggg 2400
   ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcagggga300
tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgattt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggg480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttggt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taattttaaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

attccaaaca tggcggctcc actagggggg atgttttctg ggcagccacc cgggtcccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt240
gatcagtgta tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttaciaa300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgcg cgacatccct480

```

cagggctcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaaca tccctgcacc tctgaagcca540  
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga gggtggccac600  
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactcct tgccagataa tgagttcatt660  
 ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720  
 5 gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta780  
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgtcttgt840  
 ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60  
 ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aacccagcg aagaagagg 120  
 35 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180  
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240  
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggtct ctttactcca gataactttc aggcactgct 300  
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaaag cggtttgaga caacagcagt 360  
 taacacgttg tttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420  
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagtgg agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480  
 cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540  
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600  
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660  
 tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720  
 45 tagactttta gagaaatata cccaagctat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840  
 tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840  
 ggaagtgtgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900  
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaag gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960  
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcacttgt 1020  
 50 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggataaact atatagctgg 1080  
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt 1140  
 tcttaaaaaa gtcctatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200  
 tgatgtcttc tttgcccgg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260  
 tggaataat tgaagtatt catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaaccal 1320  
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380  
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440  
 acattattca ggaacttaaa gatataattc cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500

```

tattctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
ctgacatgta tagaagtgc ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattggt1620
ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atatagagct tccgtccacc atctatgaag1680
ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggctcctg1740
5  gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcgggatga aaatggacga aagcgtctta1800
aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtaag taacttggct ttgcttaaca1860
taaattttga tataaaacac gacctggatt taatgggtga cacatatatt aaactctata1920
caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
ttaaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
10 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctggt gatggcactc2220
tggaattggt tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agagggtgtg gaggaaggaa2340
15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
tggaagcctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgttcatgg2640
20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
tacaaaataa gtgttgttgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
tgaagaaaat caattttgta tagtttatat caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880
aaaaaataaa aaaaaaaaaa a 2901
25

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

50 aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cgggaagatt tctaattctc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggttaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttgtttcc300
agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgtaa360

```

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgacg gaaggatgga ttctccatt420
ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

```

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg tttctcact cttctttttt tccttctttt 60
atccctcact cccctcccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct ttttttctct agagagtatt 240
35 gaaggaacag gttgtccctg tctggagtca agctaaacac atgatttggt ttatcagcag 300
ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
gcttgtttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggt gaaagtcact gaaacactca 420
aggcaaatta ctttacagcc ctgagtgctc gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
cccattgggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtatct tcttgaactg aaatatattg 540
40 ctcaaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggtc attattgtgg acaagttgac 600
atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgtcct 660
gtctttaact agatatacat gcttatatct atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
tgtatgaaat ttttatctat atcagtgcct ttaataatga agatattttt ggagtaattg 780
tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840
45 tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
attaaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gtcgaagcca tcaagcagtc 960
ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaaata agttgaagaal1020
ttttatttcc tgaccatgca tccccctggat ttctgagttt cagttcagat tgtagatgac1080
aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatggt aagtcatttt tccccatggall140
50 agaagcccggt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200
tatttttctt attaatgtgt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttccttctta1260
ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgat gttgtttctt tataaatgggt1320
tgagctgctg atgcaggtat tgccaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380
gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
55 acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtataca taattgggtg1500
gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggt aaatactatc1560
cagtttttga gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

```

gaaactatca ttagggaggg ttagttagt tgctgttgg actgggaggg atgattttaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttataa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtggtttttt gtttttgttt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt tttttttttt ttttttcctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
ctgttttgat tctatattag tggctctgag aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggctctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
15 ataatgctgg ttttgctgac tttttgtttt tttatatatt tataaaaaaa gaaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tgttaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgataca ggtaaggaaa cagttgggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaacaccg attcccccatt gtgtaataaa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

45

```

agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tcctcgtcat ggaaaggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgagg120
cttttgattt gttctacttt ttcagccctt tactttcttg ctgaagcatc cccttgagg180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240
50 atgatccgtg cttaatgac aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagactcttg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaaggttt360
gaggaaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa taccctacta420
ctttggtttt cctagctcca taccacacac ctaaacctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattggttt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720

```

gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780  
 tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840  
 gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900  
 aaaaaaaaaa 910

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60  
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120  
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180  
 gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggtt ccatgccatt 240  
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300  
 catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360  
 cttggacttt ccaaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtggttcaa 420  
 tttaatcggt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480  
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540  
 gtttcttaat ctgacagtgg tttcagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600  
 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggtccc 660  
 tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720  
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780  
 ttcagtcctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840  
 attcagtgga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcaa 900  
 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960  
 gacatatatt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020  
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080  
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140  
 aaatgaaaat tatagcta atgtttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagttg1200  
 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260  
 tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaaataaat1320  
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat tttttgttc agactttttc1380  
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440  
 ttgtaaa 1447

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

25 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60  
 aagggccggy gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120  
 aacaaggctt ctcataacag gacccggggc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180  
 gaggaacctg aacccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240  
 cccatgaaag ctgtgggact ggcctggggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300  
 atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360  
 30 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420  
 gcccggtccc ctgatgttg gtctggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480  
 gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gtctgtgcct ctgaggtcca540  
 ccagagggcg catgaagccc aggtgtgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600  
 ccaccaaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660  
 35 aaaagtcgac c 671

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 803 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```
gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaatttctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
10 ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtggtatc catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 tttagaggaa agttgcagga tttggatggt gccttaaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcgagcggg ggagcggcgc tgcctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcggtggc120
50 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacgggtcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgacagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctggag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
atggaccaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tgggggtgaag540
```



```

tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtgga tgtagcaciaa tttccacact600
gtgaaggcag tattagaaga ctttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcac gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
ctaagtaaaa agcctgggtc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gcccacatggc780
5 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:
- 30
- ```

ttgggtttccg gcgccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
tggtattacc gtgtgggggtt tcgttttttt cgtgggtggtt tatttgattt tgattttttt120
ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
tagtgcttag ggtaattttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggttg aacaaaataa tatgtatttt360
gatttactta aagtgttgtt aaattttctt gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
tggaacccg acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
40 cttgtctaat tc 552

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttcttttgg120
15 gggttcattt ttttgaatca accacacttc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaag gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact cttaaaggcct360
gggtggatca aattgctggt cagaggggaat atacagggaa atggtaatgg tagactcact420
20 aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtoatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgacccac ttggctgggc catagtgtcg600
gatctcataa cttccgggct gggggccggc gtccctccgg gccttccagc ccggcgtctc660
cacagcttgg gccgcgcgct cctcggccgc cccggggtct ggctggagcg gctcggccat720
25 gggcggcgtg acgctctggg agcctggtca gccgcgcaga ggccccgcac cccgggcccgc780
cccgctcgcg tgtgcgcgcc ccgcccaggc cccgagtcgc cctccgcaga cccggtccct840
cctcccggcc gggctggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg accgcgagg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccgga agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag
993

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaaatctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaattgtgc aatgtgtcaa gtagcttggt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
5 ccatgtgata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa ttttaactttt cttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt tccccctcca agtttgtaac actccccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaagctg 600
gggctgggaa ttgctggctc aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctagctgtta atgcactgtt gaccttcata 780
atgggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt ggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
15 atgctttatt aaggctcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccctcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtatttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtg taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaaaaatc tgaccaatctc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacall140
20 gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttggt aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
attcttgtgt atgtatattt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tatttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca1440
25 taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggctctg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcgacaca1620
ctaaggtttt gatatttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggaatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta1740
30 gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt cccgaattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttggtg gtgtggctct ttgctttata tatataaca1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatttcgtt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
35 acttgatttg ctgggttttg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact2160
tgcaagggtt tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 986 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggtactctg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caacttgtga ttctgtatg aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgccttt taaaagtgtt tatgtgggtt tcttttaaaa agtcctgtt840
tttggaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga                                     986

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tggtatatac caggcaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca ttttttgggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttggtgt tgacaaagcg360
55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtgg aacggtatga tacctaaaaa420

```

gaaaaaagag ttaatcacct ctccctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480  
ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60  
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120  
30 gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180  
ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcata gctatgcata 240  
acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300  
agccagtcac gatatttatt taatttgttg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360  
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tgggtttttg 420  
35 ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgagg 480  
tcttgctacc tcagctgaag gatactttct cagaaaactc caaagcacag gtattgccat 540  
tttgctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600  
aagtgtttct tgaacgagat taaaaggtag ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660  
acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgcgt gaaaaataca ggcttggttt 720  
40 cttcttttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagt aagtctttcc tgggttggtg 780  
gcagtgtgtg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttcttttct 840  
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggtag cctcatactt 900  
ctcgtgtgt tctgagtcct tggctgaaca aaatttgtt atgatgccag aagttttttg 960  
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt 1020  
45 ttcttactg gtcacactga gggctctacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt 1080  
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac 1140  
agattctctt ttgctatcac tttgaacaaa acctgaacag ctcttcttac atcctttttt 1200  
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt 1260  
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaatgag tggaaagtaa 1320  
50 gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc 1380  
ctttttgcac ttgcttcggg tcttgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttag 1440  
atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttag 1500  
aagtacagta aatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata 1560  
attagcaagt gaacttttgg atctgaactc cagtccttgt gggctagaaa atgatattaa 1620  
55 aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat 1680  
ttctaattaa tttccaaatg ttgccatag tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga 1740

taaatggcac ttttaaatgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60  
aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120  
30 aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgetc180  
ctttcagctg ctacacacat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240  
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300  
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360  
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatg gcagagttaa420  
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaga aacgcaatg caatttgcgt tgactaattt480  
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tgttctttct ttcctgccac aagacagggt540  
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600  
tctcaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata660  
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720  
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

15 agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60  
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120  
tggtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccacagga aaacctttgg gactttcaga180  
gacattgtgg ctagccaacc acatgggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240  
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300  
tgtgatcctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatatcttgc atccaaagcc agaggggaacc360  
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420  
20 atagtggcgt tcagctgata gagcggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa480  
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540  
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600  
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gtcctcaaatt cagttttca 659

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 357 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

50 cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtgcgc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60  
tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120  
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180  
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcacctct gtttttggac240  
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300  
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaggctc gttgattagg ctgggcg 357

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25

```

cggaggcagc ggaagaccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgggccg gactccgctc agtttccggt120
gcggcggaaca ccaaggtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc180
tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtggtgatg gtcgagatgg tctccgggag240
30 cggcgaggct ttagcgagggt agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
aatgggcttc ccaaactc ctactggttg gacctctggc ttttcacctt tttcgatgtg360
gtggtgttct tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc taaaaacttc ttgaataaaag aagacaggac480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctct ttcattttac actttgttac540
35 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcacca ttcttagcta agttcttaaa600
attaaacctt ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaaccac tgatggcttt acaggggctg660
aatataaaag catttgtagt taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
tttaattgtt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
40 ttttgagagg agggggggccc aaggtgttcc tggggtttgc cgagggaggg 890

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

15 gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaaag gtggtgcggc tttataagcg ggcgctacgc 60  
cacctcgagt cgtggtgCGT ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120  
gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatattggcg aggccaccca gctgctgaag180  
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240  
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300  
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360  
aagaaactgc ggagggaaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420  
20 cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaagggtga tttgccccca480  
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccg gagcggccca ttagaaaaga gagagacctc540  
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgccta ataaaaaatc600  
agtgaatgg taaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

50 ctcgagccga attcggtctg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60  
acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt cttctgtct ggtggcactt 120  
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggagggagga ttttatggag aaatgggat 180  
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240  
ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

aaactatcta aaatagagca ttttggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggctct tctgtctggt 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tattttagat agattaacat 660
taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttatct ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtggtgtat tattaatatg aaaaaaaaaa ttttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaag aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgtccttctt tcctctttta agtggtcagc tgtggcatgc tcagaggttc1020
ctgctggatt ccagctggag cggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttct1080
ttcttgtatc caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat ggtttggtat cactgtaaat1200
aaaaagaggg cctgggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 694 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggtctc gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagttag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggatc tcgcgaaaagg aaagaggtcg180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaaggt gcttaggaag ttgaaaggcc240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtggt ggattcggac ggagagcgcg360
aggactcggc ggctgagcgc gccgcacagc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc420
gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgcact gaccgtgact480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg540
gggagccccc tgtgctgggc ctggccatgg taccggaca ccacatcggt tccattgagg600
tgcagaggga gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25 gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60  
 agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120  
 tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcaccac tctgcctgta acttagaaaa 180  
 cagcccctac cccagaggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240  
 tagtttgtct gagctagaaa acttgtaacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300  
 acttgtctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc ccttttttaa aaacatcagt 360  
 30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420  
 ctogctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480  
 cttacacaga gccagtagta gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540  
 acatcaaatc ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagccccc 600  
 aaacgaagac acccacactg agtaggggtg atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660  
 35 agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttccccata 720  
 aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780  
 tgccaccctc taaaaagtgt aagaattacc ctgcaaacat tgcactgatg aaggctgtca 840  
 cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900  
 gacccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960  
 40 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga 1020  
 gtttgtaaga atgccaaaagt caccctcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg 1080  
 ttctgtctgc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagaggtgcc 1140  
 accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtccacca acaagaacct cccaaagcaal 1200  
 agcagccccc attgaggttc caaggctcgt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca 1260  
 45 aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca 1320  
 agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc 1380  
 tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt 1440  
 gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gactgtgtgg gcctgggctt 1500  
 ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctgggtccc 1560  
 50 gatccttccc ccgcatgttc atagacggac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag 1620  
 ctgagtctgg tgtccctcca ggcggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta 1680  
 gagcgggag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaatg 1740  
 ctgagtgcac atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agccccccag 1800  
 acacgtcatt agctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtag agcttgca 1860  
 55 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtccat cccacacctg 1920  
 ctctcct 1927

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 672 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

25  gccttttttat tttttttttt tggtcggtat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
    cagttaatga ttgactaact cttggttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
    agggctacag cgctgctttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
    aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcaccatca tgggaaacac cttccctttt240
    cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30  agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggtc taagggtgcc agaagtctca360
    ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctcggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420
    cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
    gaaaactggt gttaccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
    tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttctcttt cctttctctt600
35  tgttttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccaactggaat660
    ctcagagggt gc                                     672
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcatccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60  
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120  
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180  
cagaccctct ccagaagttg ggtgaacaa ctcatctgga ctcagacgta tgaagaagct240  
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc ccccgagcact gaggagctcg cctgctgccc 60  
tcttgccgcgc gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggccagaal20  
tggtacaac agtccctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180  
gtgataaggc tgaagcttgg ggcatcgctc tagaaacggt ggccacagcc ggggttgtga240  
cctcggtggc cttcatgctc actctccgca tcctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300  
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tcctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360  
45 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagc gccacacgc ttcttctct420  
ttgggatacct cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480  
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540  
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600  
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

ctttaatgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60  
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120  
gttctaattcc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180  
25 tgggtcaaac tattgagtc tgggcacatt ggatcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240  
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300  
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360  
tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtgggtga gggagatggt tctggcagg420  
gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480  
30 actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540  
gcaggtttca cctcaacag ccagggtcag cagaccattg cctgcggtg tgcgtgcagc600  
aagcttgga tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gacctcttc660  
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccag720  
tggtctgtgt gcgtgttggg ctgacccgcc aaacttgacc tagaatggt ggggggcctc780  
35 c 781

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60  
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120  
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180  
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240  
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300  
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60  
cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120  
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccgggccggg gacaagagaa 180  
gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtag gagccctcac 240  
catcgatggg gaggaatata ttctttttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300  
45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360  
agaacttggg ccatttggct tggctcattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420  
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac caggtggggg 480  
ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540  
attctacact ttctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600  
50 ccgcctcttt tgggaacca tgaagatcca tgacatccgc tggaactttg agaagtccct 660  
ggtggggcca gatggcatac cggttatgcg ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720  
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780  
actgatgcc ccaccctacc cctaccctcc gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840  
ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctacccccac cccagattct ctttcttatt 900  
55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtggtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
catctgtgtt tacggcttggt cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
ttggggccag catctcccac atgcccacac tacacaccac cagctcctt cttccttcct1200
5 gaaggaccct cctgagcccc caagccatc ccacagtgt cctgagacca gccaaagaca1260
ctgtgagcgc gatggccgtg taccacaggt caggggtgtg gtctctatga aggagggggc1320
cgaagccctt gtgggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgatt1380
caggcttagg ctcccaggca gggacactac ccccgccct ctggaggaca tgctatcctc1440
tactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgcca gtaaagggtc ttctgcagca1500
10 aaaaaaaaaa agaaaaaaaa aaaaaaaaaa
1528

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

35 ggcaggtctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cctcccagaa gcccggtgtg ggggcgggac acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180
aagttcaggg ccggtcgag gcaggggag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cgacacgga tgtgaagtcc cagctgtctg300
gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc cactgaagg gccctggaca420
gggctcatta aaccttctc tctgcctacg agtaccaccc acctggagct aagatgctta480
ggtggggggg ggccgcccga
499

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcggaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga ggttcgggtg ggcacgggac ggctggaaga gctcgactcg tcccgctggg 120
aaagcgcgag tctgagtggg accctggacg acttgcaag cggtcgccgc agtcatggcg 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtcg gatagcagac 240
20 aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
cttggccttag agtcagaaat tttggagcca agcataacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctcga catcaaatca acagaaagaa aagaagagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
25 aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggt agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aaggttttaag tgaagatggt ttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaatccagat ggagagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgtatc 780
gccttctagt aagggtcaatg aaaattcact tggcaccccta gatgaatcca aatcatcaga 840
30 ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgacct 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtatttcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttggaaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
35 ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtgggtattt aaagaaaaaa cagtcaacttc1200
tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacag aggtgatgat ccaatagttt gcaggagag1320
cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
ttgtcccggtg ttttgt 1396
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
   ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca 300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaaggac 360
   caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcac cccaaacaaa gtcgatgacc 420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaac tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac 540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca attttttaaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt 660
   tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa 720
   taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
   aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga                               808

```

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

50 tttttttttt tttttttttt ttttttgag caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tattttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gtttaacccc 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttctctccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggt gtctataaat ggaattggct 360

```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggctcttct 600
5  tggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttgccctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagagggg ggaagggtgt gtatctctgc tgctctgggt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttggtg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggtctcgcg ggctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaal020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgcct ctttctgagal080
caatgcattg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtgcgcg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaattgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attattttaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaact ggaagatatt gcaaattgcag cgtagcagc 420
tagtgacgta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttacttttga 480
agatgatatg tttgtattat gtaataaaaa taaggagcct gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtctt tttacaggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata ctggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccatttaaac aggggttaatt tggagaatac 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtg tagaccaaa agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctga1140
caataaccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggtgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
10 cctgggtttt aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaal740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtgggtgg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaal860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtgaa aatcagagtt atttggttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
tacacggata atatcgc 2177
20

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

45 ggcgaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tgggtaatcg ccttggcctt ggctgccctc cttgttgttg acagggaggt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccggat aaaaacccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtgggtggga360
tgagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catcccatTT ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taaaaaaaaa ggtaattggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttctgaa ggggtgaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaattaga aactgacaga cactagatgt gcttgaaga ttaaacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtgggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacagg 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcac aactgatggc ccacgatctc aaatagctaa 600
aaactcctga gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgc 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatat ttagtactga aaggcagaca ataaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatataa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaaataaa ggactatttc atgtcatgac tgcttgttgg ctctctctc 1020
40 atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg 1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa 1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgctgatgt tgtggtccta tccgttccag 1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc accttgaga tttttcctgt catttatgat 1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg 1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc 1349

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

```
atttaatctt cattcttcta ctatcccca tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaat ctccttcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaaata gcttcaaac tgactttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctgagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaact actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacgggag acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccaccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactgggtccg attccacccc ctacagacta 780
ataataactt tttttaaca actatacttt gctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctattttgct tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgcttctct acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
tctgtaccca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattca1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35 tctactcaaa agacctaat attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattct cattaacgaa aatgaccag1320
acctcataaa cccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tcttcacaat accatgattt ttaaaaacca1440
40 cagccctaata ttttccagta ttaggattcc taatcgcaat agaactaaac aacctaacca1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcactctt ctcaacttta ctgggggttt1560
tccatcttat tttcaccgc attacacca taaaatctct caacctaaagc ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctgggttag aaaaaacat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
45 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatac ccgcaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacaaacta tatattgccc ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatat atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactcaa cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
50 aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaaccatc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac cctaaaacca ttaaacaccc aacaaaccca ctaacaatta aacctaaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa ccaagacaa ccaacaaaaa ataatgaact2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
55 gaaaaatcat cggtgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaacacaccc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaata agtccaaatc attacagggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgcgcaga cgtaaatatc ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ctttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcttaggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattatit ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aaccggaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gagggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaataacct ttcttccata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg gggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaac acgatcggtt3540
gacatatagg gc 3552

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgcctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcaggttta ttcaaagtt ggagtcctct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcactctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagtta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggta600
a 601

```

### 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

25 agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaa ccacaaagct acaacactga 60
ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
tgatcttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
cccaagtagc tgggtttata ggtgccgcc accagaccgc gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctttaa tgacctctt atttttaact 300
tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
30 cccactccc acaactctg aagccagtgt ctactgtact aaaaaagag ttgtatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaata atgaaactag gggaaattca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
tggttggggc atttttaaga tggctggcta ctctgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
35 tcataactca gtaacatgaa cttgcccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
acttgactat atatgttgca tcctgtgcct cccttcatat taatatttga taaagatttt 900
aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
40 aggataggca agaccctgta tgaatagtag caaagcatta ccgcattgta gagaacacac 1020
tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcaca 1080
aacaagggtt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaaggt ttttatctgt gtagaatggg 1260
45 tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagttaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
gtcaggcttt ctgaacattg agatattctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattgccagt tcagtctttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt 1560
50 gtaataacaa gactcagtc ttatttttta aactgcattt taaaaattgg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtcag 1800
ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
55 tgggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtatttatt tattttatt 1920
tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgctgtg aggatgtact 1980
gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt 2040

```



ttatactgtt ggatacttat aatcaaaact ttactaggg tattgaataa atctagtctt2100  
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 623 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60  
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120  
gtccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180  
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240  
cgcgagcgcac agaaactaga gacccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300  
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcaaccgg360  
35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420  
cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggggtgtcac caaggccatg480  
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540  
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600  
ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare  
45 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtctca tggggatgaa gaaccagctc180
15 gcggtcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgtatgaa ggccatgcaa240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccaggga480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctacccgc tgggtgtgca cactcctc600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt660
tggagaaggc tctgtttgtc tcttttcatt ctctgccag gttttgggat cgcaaaggga720
ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcatTTTT aggaaaaaaa aaaaaaaaaa780
25 a 781

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

50

```

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgccttttga ggccgacgt aggggcccgg 60
aagggaact gcgagggcga ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctccgtagac 120
ctgggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctgggtgtg ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgtttgt aagaattcca tcacgaagaa 240

```

```

tcaatggctg ttaacaccta gcagggaata tgccaccaaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctggtg gtcttggagc 420
attgtgctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag cagggagtat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattgggtg gacctttgca gccatgggtg gagctggaat 660
gctggtacga tcaataccat atgaccagag ccagggccca aagcatcttg cttggttgct 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtctctctct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtgggaggg ctctccactg tggccatgtg 840
tgcccccagt gaaaagtttc tgaacatggg tgacccctg ggagtgggac tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcatgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccctc tgtatgatac1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc1080
15 cattaaactg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagtgtcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgc tcagcttctg gcttctctgc1200
tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcgttgaagt ttagaagata agaaacatgt catcatatct aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgt tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta gggttactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaaatac ttaggaaactt agcacctggg gttatttggg ttaggtgagg1680
25 gagcccggta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

50 cccccccagc cctgtctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggc agtctccacg 60
tggttaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgc cggaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaaccaat aagctgcttc180
gcctcggagc tgaagcccgt actcaagatg gcggctccgg gcgggcgtgg ccagtgacta240
55 gaaggcgagg cgcccgggga ccatggcggc gcggcgggac gagcggagtc cagaggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggg tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

```

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caagggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
tgttatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgt540
5   aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggt ggaatggctg caaataaagg ataattgatt660
ctcctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgt720
agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
gttcaaaccg ggggtttgtg aaccggggga acccattgcg ctttggaat t      831

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 744 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
35 tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggtaaagt acaggcaaca ccacttccgc300
gtttctcttg cgccttggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
40 atcccggtgc tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatac540
catgacctcc tgaatatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcctatcac atacctaact600
actgcccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaa aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
gggagagcat caggaagagt agct      744

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgcgcgagc aagatggcgg cgcgagtgcg ggcgcgcgcgc ggaggcgctg 60
ggcgcgcgcgc ctctgcagc gggcggcccc ctgcagcctc ctgccaggc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tgggtggggac 360
ttggaacacg ttgtatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaaat ttttggaaat 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
ttcttggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataa tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccaggga gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattgggtata ttacacagtt ccacttatc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctctttc 1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgctcgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac 1140
ttctccccac cctccagaag gggctccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgcatt 1320
40 gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtaccca 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatacagt ttcacatcat gtatttgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta 1620
45 gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaattg 1920
50 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttcacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa
2017

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20

```

cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaa gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
25 agtaccacgc tggctctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttggttc cgtataaagg360
atatactctg aactatggtg ccattccctca gacttgggaa gacccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttggtggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggg atattggcta tgattgacga540
30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatata aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataagggtc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctt ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatata tattaagaag actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
35 gccctcaaa gtgtgc                                     856

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagtgt 60  
 cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gacccagccg120  
 10 aatacaacat atctccggaa acccggcggg cgcaagcgag cggttggcca taagagccca180  
 gctgaaacga gagtacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240  
 tctgccttg cttcggtggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300  
 cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360  
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420  
 15 tcgaacattt cacctctcat attaatctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480  
 ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgagggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60  
 ttacagcctt tcgattatga tccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120  
 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180  
 45 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240  
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcata aaagacagaa acaccaatag 300  
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360  
 gtaagagggt gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420  
 aagatggact gcgatgagg aagacagtgc agagcaacag cccatttca gcattagccc 480  
 50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccc ggctcctggc tctgggtggt ttgttcttta 540  
 tcggttggtg aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600  
 tggattggtg gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660  
 aattaatgta tgatgacatc tcacaggtct tgccctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720  
 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaaaatgtat 780

```

agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggtattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
5 tggagcccag catgctgggg agtgcggtca gtcacacaca gtagtcccca cgtggcccac1020
tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtgaa gtcaaacgtt1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcacatc atgttttctt1320
10 attgtcaca gagtacagtt aatgctgctg gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtgc tctggagagt ctggatcatg ggaggtgggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaaca1500
actgtcatag ggagggaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
15 cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcaggaa1680
caaatggatc gggctgcaga gggtagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800
attaatttta tgccataaaa gaccaacca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
20 gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tttttttttt tatgttaaat 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaggt aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttggcat ttcctgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaataac 300
atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact cttatttaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
tttattttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt atttgttttt ctaaccgtaa 480
gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaca aatctttttc tgggtcaagag aaaaaaaaaa 600
aaaagaaaca gcactctgca tgcttcactc tacaagatga atttccttag aaagaatcca 660

```



```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactgggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gaggcttaaa 780
ccttcattctc tcaggtgccg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttggttctg gtatcattaa gtgaaacact gtgtgggttt 900
5 ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcattttgga atccattaat1020
tcacacaggt ttgcctcttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggctgt1140
agcattactg aaacagtcac agttgaccct gggcaataa ttccactgtt gggcctcaca1200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttccact ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gatttgtagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccctgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg ggcgggcttg ctgctgggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttggtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttggt ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttctaa1740
atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20 tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcattt1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatattg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtgggtcttg gaagagcgtc gaggggggccg 60
50 tggacgtgga atggggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaacgtg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggccctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtacgggac 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggaatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggaa gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaaaga 480

```

```
gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgttctt gtcctgatg tggatgacct 720
5 agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcatgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaat 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
10 gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
cagtttaaaag ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttccccaat1140
tacaaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac1200
atgggtcaact gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaaacta1260
actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt1380
gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat1440
ttgggtcca aattataa 1458
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```
gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
45 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc ccttgaacc 300
ccaacctcc ccaaccccc ccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaatttact 360
cacctgggcg ttggaagtat tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatggtg 420
50 gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctggtg 540
atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ctttttctgtg 600
caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
55 atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840
```

```

gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggaagaatg ggaatgggga 900
acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggtggtg 960
gaggcagtgagg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgagg aggtggatgg cgtgggatgt1020
actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt1080
5 cttacagatt taatttcttt tgtattttta gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
tactattagt tctacaagaa gtagtgtggt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
10 cgtaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct1500
tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaagc tcatttatca1560
ggcatagctc tgaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc1680
15 ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcagggttat1740
cgcaagatgt cttagagtag ggtaaagggt ctcagtgaca caagaattca gtattaagta1800
cataggattt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgcccataa1860
gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagtttttag1980
20 tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
tatggctttt ttccaaattg gctaattggat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
tattgaactt gttacttgtt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa
2188

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

50 ctcgctagtt cgatcggttag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgcgcgc gccgcgctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcacgc caaccatgag cagcggagcc gagacccagc agccgcccgc 180
ggcccccccc gcgccccccg cctcagcgc cgccgacacc aagccccgca ctacgggcag 240
cggcgcaagg agcggtggcc cgggcggcct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
55 gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
tggtgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggctctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
5 gggatcggag agtgctcccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
gttccacact tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctctcgcga 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtccgtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctctall140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatgal200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgcttttt gcccgttgac cagataaatal260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttacctt aagacgtctc1320
tttttggtta taacaaacgt gtttttttaa aaagcctggt ttttctcaat acgcctttaal380
aggtttttta attgtttcat atctggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaatl440
ttgtaataaa agttttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaaggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45 ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctacgcctcg ccgctgctgc cggcccgcc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcatgga 240
taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggaagccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaaggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttgga 540
aaagtctctg atcccgaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggtattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaaa gaaatgcaac 720

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780  
 tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840  
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900  
 agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960  
 5 ggaggggaaa attaacccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020  
 agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080  
 ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatggt tagttttggg1140  
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtggc1200  
 ccagtatggg ggggtgttg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254  
 10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:
- 35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgtga gagcagggtc 60  
 actttatttg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120  
 tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg180  
 gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcca240  
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agcccacaca gaacatgttg300  
 ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360  
 aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420  
 atgagggact cgggtgccagc agctggaggg gcagtgaggc gagagatggc ggacacgcgg480  
 gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtcagg540  
 45 ctgttgtatt tggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccctcc600  
 aggacttoga tgttgtgtc tcccagtcct acctggatgc gggacttgta gcagtgcact660  
 gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720  
 aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca780  
 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840  
 50 atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccctg ctttatacct cccgaggatg900  
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctctc ccagcacaaa caca 954

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```

ggcgaccg cggggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccg 60
cccggggcc caggtgcgct tcccctagag agggatttct cgggtctcgtg ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcgatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag taggggtgtg cctccgcagc cgcagaggag gagcgcagcc 240
ggcctcgaaq aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtctg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggactt gatagacgac ctgaagtacg aactgagtgg caacttcgag cagggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcggttcag ttccagcgag tgctgggtgtc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccga 900
accgaaatca cctgttgcag gtgtttgatg aatacaaaag gatatacacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcattgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
40 tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tgatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcataagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
ataaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcatt tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca tgaaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcaattgaaa1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccc tccagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaatcact ttctgtagtc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaat aagcttcaaa ctagggtattc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgactg tgcctttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttggg ttttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```

cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgctgagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
30 tcttcaccta gcgcagtcaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaaggattg cccacagctga tggaaagtagt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggac tctcaagcct cagagtatga 480
35 tgaccctcca ggctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540
ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
tgaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgcta tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
40 tgcactgtct gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
tgaatttcag caacttccct accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttggaat ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020
ccacatcttg aggctaccca aagctccttg ctttgtatat gctggcttg aactgatttc1080
45 ccatcgata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtggal200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtctgc tggttctttt1260
gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc1320
taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgagggtccc1380
50 cgaccatttc actcctaate taaagggtgga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440
gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
tcttaaaaact cgatcaccag tcactttcct ctctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactggtgct ctatgtcggg1620
actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
55 cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttgagcac tgagggtcgc1740
tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800

```

```

ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataaggc cacatccttg gggctctctt1920
attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
cactgtgccc cagaaatcga aaagttattc cagtcggctg cacagtgtg catgggacag2040
5 aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccc actactgttg2220
ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
tgGCCAAAAT ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
10 ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt ttgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagctc2460
catgtctctt gacattcctg gtgtcccaaa aagccagttt gaattattatg2520
taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagtatt taaaaatgtg2580
gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctactattg gaatcccatg2640
15 agtttccatt ttgtctctac ccaaactgat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
tttcttttgg ggattatata cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
ggaaaccaga ccaggcctaa agcccccccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttag gaaagggaac ccaaaccgc attaatg 2878

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

45 atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaacttta aaaagtaatg ggatcttttg 60
acactggggt atgttttatt tttatgtgtg caaattttaa ccatattcctt ttctagttaa120
agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
cgagagccct gtcattctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
ttgggaaaaat gaggtacgtt agtggttcgag attttaaagg caaagtgtct attgatatta300
50 gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaagggt atttcttta360
atccagaaca atggagccag ctgaaggaaac agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgttt ttaattctgtc480
tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaaatat tgagtgaagc600
55 taattgtcaa ctttattaag gattactttg totgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60  
 atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgac agggagggga cagcaggcgg120  
 gaaccctgca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa cagggtttgtt tgggttcaggal80  
 gaggtttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240  
 30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300  
 atggaaatca aattagggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360  
 ggacaaggga gcactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420  
 gttaaacatt ggcagggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480  
 gcttgtaaag cttttgttat ctttgttatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540  
 35 tggagtacga gccggtagag gaatcctgtt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600  
 aagggtcggag aaccaagtgc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660  
 tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720  
 ttgatgaagg ttccgcctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780  
 gcatttctctg atttcctctg tggtaataaa agctttc 817

40

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaattg 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
ttgggtatatt caagggttga tggagtactg ctcggtgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cttttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggg gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggctct actgaagtaa 780
25 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga1080
30 acaaaagaaag cgtgattact catttcaaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag1260
ttgtctttct ggctaagaa ctcagtgtgt ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg1380
35 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata1500
aagaaaaatt taaggaaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg1620
cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt1680
40 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaag1740
aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaac actcttgtag gatgagaaag1800
caaaatgcaa taaatatgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac1920
ttaaaggagg tctagaaaaa ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatggtgctt1980
45 tttaccacga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca2040
atgttgctcg cagccagcct gctcgaaact ttagtcgggc tgatggctta gaggactctg2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacattttac2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc2220
tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa2280
50 gtcactggaa ggtgtgccc atgtgcagcg agcagttccc tcctgactat gaccagcagg2340
tgtttgaag gcagtgtcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa2460
tagaccactg aggagacat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata2580
55 aattttaatc tctgttaatc ttaccaaata ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgctcctccc gccgcgcgcg actccggcag ctttatcgcc agagtcacctg120
aactctcgct tctcttttaa tcccctgcat cggatcaccg gcgtgccccca ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaaagt240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctccc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtgggtc ccttcgagta gagaggcccc cccgcccacc600
gtgggcagtg ccacccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaacccaa accatgagaa660
35 tttgcaacag gggagggaaa aaggacccaa acttccaagg cctgctttt tttcttaaaa720
gtacttttaa aaggaaattt gtttgtatgt tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780
tgtaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcggttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggttggtga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt
922

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10

```

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct cccccgcgcc gccagccgag gcagctcgag cccagtcgcgc120
ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
tacatcgaca acctcatggc ggacggggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cacgccagct300
gaggtgggtg tcctggttgg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
ggggggccaga aatgttcggg gatccgggac tcaactgctgc aggatgggga atttagcatg420
gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggcc cccaccttca atgtcactgt caccaagact480
gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acgggtggtt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
ttatTTTTTg ggccattacc ccataccctt tattgtgtcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggtgtg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccggtgt tgggtggaaa780
acttttgttt tttggggttt tttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg                                     870

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgag actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtggtg gtcttgggtc 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtgcctcc gaagaaattt aagtctatcc 180

```

```

gtgagacccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggacccac aagtatgac 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gctgacctta cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac ccagcgagt cgtccacctt ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgcaggaggg cggccctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtt ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgac tgtcaccag gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctctgtaact 1020
15 gtaacagcat tcagaatctg ccagcgttga ccttcacat caatggtgtg gagttccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctacagtaaca acggctactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt 1200
ctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgctgcct cgacacgtgg gctccccctt tctcttgac cctgcacct cctagggcat 1320
20 tgtatctgtc ttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcatcgctcg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacact 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagtctctg gaaaagcag ctttacaaca 300
aataccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgtctgt tctcttgaag aaaccaatga ctttaaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtcctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600

```

```

at t t t t c c c a c   g g a c c t g c c a   g c a a c c g a a g   t t t t c a c t c c   a g t t g t c c c c   a c a g t a g a c a   660
c a t a t g a t g g   c c g a g g t g a t   a g t g t g g t t t   a t g g a c t g a g   g t c a a a a t c t   a a g a a g t t t c   720
g c a g a c c t g a   c a t c c a g t a c   c c t g a t g c t a   c a g a c g a g g a   c a t c a c c t c a   c a c a t g g a a a   780
g c g a g g a g t t   g a a t g g t g c a   t a c a a g g c c a   t c c c c g t t g c   c c a g g a c c t g   a a c g c g c c t t   840
5   c t g a t t g g g a   c a g c c g t g g g   a a g g a c a g t t   a t g a a a c g a g   t c a g c t g g a t   g a c c a g a g t g   900
c t g a a a c c c a   c a g c c a c a a g   c a g t c c a g a t   t a t a t a a g c g   g a a a g c c a a t   g a t g a g a g c a   960
a t g a g c a t t c   c g a t g t g a t t   g a t a g t c a g g   a a c t t t c c a a   a g t c a g c c g t   g a a t t c c a c a   1020
g c c a t g a a t t   t c a c a g c c a t   g a a g a t a t g c   t g g t t g t a g a   c c c c a a a a g t   a a g g a a g a a g   1080
a t a a a c a c c t   g a a a t t t c g t   a t t t c t c a t g   a a t t a g a t a g   t g c a t c t t c t   g a g g t c a a t t   1140
10   a a a a g g a g a a   a a a a t a c a a t   t t c t c a c t t t   g c a t t t a g t c   a a a a g a a a a a   a t g c t t t a t a   1200
g c a a a a t g a a   a g a g a a c a t g   a a a t g c t t c t   t t c t c a g t t t   a t t g g t t g a a   t g t g t a t c t a   1260
t t t g a g t c t g   g a a a t a a c t a   a t g t g t t t g a   t a a t t a g t t t   a g t t t g t g g c   t t c a t g g a a a   1320
c t c c c t g t a a   a c t a a a a g c t   t c a g g g t t a t   g t c t a t g t t c   a t t c t a t a g a   a g a a a t g c a a   1380
a c t a t c a c t g   t a t t t t a a t a   t t t g t t a t t c   t c t c a t g a a t   a g a a a t t t a t   g t a g a a g c a a   1440
15   a c a a a a t a c t   t t t a c c c a c t   t a a a a g a g a   a t a t a a c a t t   t t a t g t c a c t   a t a a t c t t t t   1500
g t t t t t t a a g   t t a g t g t a t a   t t t t g t t g t g   a t t a t c t t t t   t g t g g t g t g a   a t a a a t c t t t   1560
t a t c t t g a a t   g t a a t a a g a a   t t t g g t g g t g   t c a a t t g c t t   a t t t g t t t t c   c c a c g g t t g t   1620
c c a g c a a t t a   a t a a a a c a t a   a c c t t t t t t a   c t g c c t a a a a   a a a a a a a a g a   g a a a a g a a a a   1680
a a a a g a a a a g   a a a a a a a g g g   g a g g g a g g g g   a g                                     1712

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1273 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

45   a c c g c c c c c g   c t g t g g g t c t   c a g c a g c t c g   g g c g g c g g g a   g g g g t g g c a g   c g g c a a g g c a   60
g c c c a g t t t c   g c g a a g g c t g   t c g g c g c g c c   g c g g c c c g c a   g g c a c c c g g c   a c g c g c c t t c   120
c c c g c a g g c a   c c c g g c a c g c   g c c t t c c c c g   c c g c c a c g a t   g c c c a a g a g g   a a g g t c a g c t   180
c c g c c g a a g g   g c c g c c a a g g   a a g a g c c c a a   g a g g a g a t c g   g c g c g g t t g t   c a g c t a a a c c   240
t c c t g c a a a a   g t g g a a g c g a   a c c g a a a a a g   g c a g c a g c g a   a g g a t a a a t c   t t c a g a c a a a   300
50   a a a g t g c a a a   c a a a a g g g a a   a a g g g g a g c a   a a g g g a a a a c   a g g c c g a a g t   g g c t a a c c a a   360
g a a a c t a a a g   a a g a c t t a c c   t g c g g a a a a c   g g g g a a a c g a   a g a c t g a g g a   g a g t c c a g c c   420
t c t g a t g a a g   c a g g a g a g a a   a g a a g c c a a g   t c t g a t t a a t   a a c c a t a t a c   c a t g t c t t a t   480
c a g t g g t c c c   t g t c t c c c t t   c t t g t a c a a t   c c a g a g g a a t   a t t t t t a t c a   a c t a t t t t g t   540
a a a t g c a a g t   t t t t t a g t a g   c t c t a g a a a c   a t t t t t a a g a   a g g a g g g a a t   c c c a c c t c a t   600
55   c c c a t t t t t t   a a g t g t a a a t   g c t t t t t t t t   a a g a g g t g a a   a t c a t t t g c t   g g t t g t t t a t   660
t t t t t g g t a c   a a c c a g a a a a   t a g t g t g g g a   t a t t g a a t t a   t g g g a g g c t c   t g a c t g t c t c   720

```

```

5  ggggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaaagc 780
   atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
   tctattacca tgttgtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
   ggctctctct gccagaattg tgtgactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttcc 960
10 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt 1020
   tgagtgtgga actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg 1080
   atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataact 1140
   taaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt 1200
   acaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa 1260
10 aaaaaaaaaa aaa 1273

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

   cctcggacca ccggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcg cgtgcggcac 60
   gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggttg ggactgcacg tagcccgcg ctcggcattg 120
   ctctcctggg gctcggctct gtgagctgta ccttctttct ggcaagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgac gaattaactc catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
   gtgatatgtt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggt tggctactgt caaagattaa 300
   caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
   atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatgggtg tcagggattt cctaccatta 420
   agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
   gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
   tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
   tggttgagtt ctatgtctct tgggtgggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
   ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttctt acaatcaaga 840
   tatttcagaa aggcgagctc cctgtggatt atgacggttg gcggacaaga tccgacatcg 900
   tgtcccgggc ccttgatttg tttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
   tcaacgagga cattgccaa aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc 1020
   tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga 1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc 1140
   agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgcc 1200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagttag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcgggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgtag1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gaggttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaaggagc attctctaca ctcagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattgtt gtagccgggt aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgga1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatattgaat attaatggct1800
ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgttttagcag taaatcaata ttttgaagt atacacagat1920
gtctttcttc cccacaaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatggtg1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tctgcccata tatttgtctt tgggctgtct ctagtgacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

```

45 gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagctc aagttctcta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaagag aaagagttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagtga 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatggt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaaggct taggcgatca cggtctagat ctccataaaa 660

```



```

atcaggaaaag aagtcagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcttg aacggctctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcattgtt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
ttttgtttta ggatgttggtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cctttttgtal080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt1140
ttttgcccc cgggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg1200
10 tgccttcttat acctgatgca ctttataagc cccagtggtc aagtagctta agttttatat1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttggtgg tttgctaacc1320
atttgctttt gataagtttc tcttggttaa tactaatacc cagatatcaa agactaggta1380
gatattggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
15 aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
aacaagggtt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
ttggctcccc cccctactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
aaaataaaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaatcca aggtgcaaaa1800
20 agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagggt1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gccccatttta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaataataag ctgcaatagc aattttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaatttaaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta taaactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55 acaaaaagtt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagtttaag 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgtaataaat 540

```

```

aaagtccttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataaggatt 600
tcgttgcaac gctatttaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagtcctgt cctttagta ggcagggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcgga atactcaa atactcaaac atcttttta aactttgatt 840
tatagtcctt agaaagtatt gttttttaat agtcaactta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaaga 960
ctcaaatgga atgatttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac1080
10 acttaaaacg aatctcaaga gggtagcat tgttgtttca gataccatcc ctaaggagag1140
tgggtgcaag gaagattgcc agtggtactg atggaaagaa gtgtttgttt gtttttttt1200
cttgtaaaag acttacacca tagttttaaa ttaaactgtc aggcattttc tcagacaggt1260
tttctttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaat catgactttt gactgccatt1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc1380
15 tgagtccttg gggtagctgt ttctccatca gaacacaaac acaaccatc taatcagttt1440
ccctcaaaaga tgaattgac aaatttaattg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcac acactagcta taatgcttct agctccttat1620
ataaatatgga accttggtcc aggtgttcg atgatgtcac tgtacggttc ttctgtgtc1680
20 agctcaatag cttgtgtgtt tttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttttagca1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttc1860
tgatcttgat cgccccctga tgcattctca tctcttctct cttcatcctc ttctttttcc1920
ttctctttct ccttctcttt ttctggcaga agttcttaact ctggtattag ctgacagata1980
25 tttggagggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat2040
ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tgggtgggga ggcatactg actcatctat2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgact ctggaggcgg cttggctctt caataatggg2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctgttgctgg tctctcttag gaacctctgg2220
attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctctctctt tctctcttt2280
30 tctaaggtct tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagtctgtt2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca2400
catcatcaat ttcttggtgg cggtgccaga tccaaagtag taacaatctc tgaataatca2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc2520
ctcttctctt tggcttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct2580
35 tcttctctat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcattg ttggcattgg ttcaacggga2640
tccactgaat caggactatc agggccaccc attgatacat tatcatctc atccatctcg2700
tcatgtcgag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca2760
aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc2880
40 agattgctgg tgctctgttc agactcta ataggaggttag aagtagtagt gcttactaac2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatctatc cacgatcatc cattccaaaa3000
tcacaaaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttatc3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgctgggcca catcgatgtc atctaagtca3120
ggcagtggtc gatcaaaagtc atgaaattct tcaggtaaaag taatggcatt ataagctgct3180
45 tcccagatttt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccga aagccatctt tatcttaatg3240
aatgttctat tacagtctgc aagaaggtat ttggctttcc tgtgatagat tcgaactact3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttggtga gatgatactc3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca3420
atgggccgct agccaaattc ttgccagagg cctcttttta ctgagaacaa aatgtgcgta3480
50 gaacattggt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg3540
gcgggctggg tggccggggg aggggaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggga3600
gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgccccc cacagccggc gcctccttcc3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gtttaaccgc ggctcttc 3708

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
20  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
    tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
    aaacataacg atgatgagca gtacgcttggt ggtcctcag cagggggatc attcacagt 360
25  aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atccattac tctttttgtg gagaaggaaac gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaagga agacaaaaga gaagaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
    gaagacaaac ctgaaattga agatgttgggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggt 660
30  gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaagccca tctggaccag aaatcccagc gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    ggacagttgg aattcagagc ccttctattt gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
    gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35  aactgtgagg agctaattccc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggt agactcggag1020
    gatctccctc taaacatatc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tgggtcaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
    aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
    tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtaact acacatctgc ctctggtgat1260
40  gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    ctgaaggaat ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttccal500
    gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
45  aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagagag1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaaagaaa1740
    cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
    gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactctgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
50  tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatac1920
    aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgtgtga1980
    actgaagaaa tgccaccctt tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
    taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
    ttttcaagga tgtttttctt tttttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
55  tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catggttggtt ttttttcaca gattgggta2280
    acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaaccttg tgtggtctaa agtggttagc2340
    tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
```

```

t gatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
agttaaaagc ctacctaaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtctt2640
5 gtggatggaa atgtagtgtc cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
gttagtgcca aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggtaaaca ctagctgctc2820
caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcaggt gtggggtgga gcacatgtag2880
gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
10 tcttagtgtc cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgga 60
gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
aatgatacag gacacacaat gggatgacca ttcatgttgc agcagctctac aaatccagca 180
40 ccaggaattc tgggacctcc acctccctca tttcatcttg ggggaccagc agttggacca 240
agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaggc 300
agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
taccagctat tacagctggg agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
aaaattaatg aggcatttat tgaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatccag 540
aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
gagcttggac gtgtgatata tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
gttctcaagc ttgttgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gagatgaaa 720
agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
50 ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaagaa acaagaagag aagtcgggtg1020
aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggc1140
gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaa1200

```

```

5  aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
   agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal320
   atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac caggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
   atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atgggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttgggtatag1500
   actatgtgat acctaaaaca ggggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
   aagaagttgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
   ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
   atttaatgat ttcaaagaaa ataatggttc tttgttttta atgttaacct tttttaaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
   tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatgggta agttaatgaa1860
   tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccat1920
   agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaa1980
   atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
   agacttttcat ttggagtgtg aaccctgttt ggttgcattt catttttgga gaacttaatt2160
   aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgttgttt2220
   aggttaataa aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagtccc2280
   tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
   tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
   ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgccat aatcctagat2520
   gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
   aatttgtgtt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtgaa taccaataaaa aagaaaaccc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
   gaatgttaac caaaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
   ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60  
 agcggctctt tccgctatct gccgcttctg caccggaagc gagttgagac acggcaggtt 120  
 cccgcccggg agaagcgacc aaagcgctg aggaccggca acatgggtgc gtcgggggaat 180

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccctttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcataattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaaagtgg gacagaggag atggccccct tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaana tgggtgatgat atcttttaga ggtgaagatg ggttgatga aatttattca 840
ttcagtgaaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagttgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaa1020
15 gaagatatac aaaaagaac agtttattgc ttaaatgatg atgatgaac tgaagtttta1080
aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtga tagttccttt ctctaaagtq1140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag ggaagtgt tctctgtttt gggattttgt1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttctccc tgattcatgc tttggatgac1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaatac tcaagtcggc1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tcttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccatgagctt ggcaagaaal560
gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
25 tttcagagat tatttcagt tctgtgcac agagctttac atccccggga gcctctaccc1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctccc ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcctc tctctaaaaa aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaggat1800
caagtgactg ctccagaaat tttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaaa1860
ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc1920
30 acctctgttg gaagtgtgaa tctgtctgaa aacttccgtg ttctagtga acagaagaag1980
gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcaccc gagccttccg ggaagaagcc2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttctgaa aagcccttca agagaaagt2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgtgtgca aggatggaat tactctgatc2220
35 accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaagggtg tgatgtggac2340
gatttatttg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcac taattctctg tggaaatgaat2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gacccatac aagtttataa agagtcatg2580
ttattttctg gttggtgtat tattttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgagttt2760
cttaaccctt tccagagtcc tcttttgcc gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt2820
45 gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttcttt aagtgggggt ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtgggtgtct catgaagaaa agaccttttg gcccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtagttagaa3120
50 ttatatcact tcaactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggatgggtgtc tcttttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttcttg3300
tctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttgggtga cagacttctt ggtacctcag3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tcactaatc acagttttgt acatgtaaca3420
55 ttaaaggcat aaatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60  
gtacaggagc tcgtgccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120  
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180  
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240  
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acagggtccc ccttgccagc cagggcctgg300  
25 gccccggcag caccgtcctg ctgggtggtg acaaattgcga cgaacctctg agcatcctgg360  
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420  
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480  
tcgaggggaa gcccttgag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540  
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600  
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660  
gaaaaaaaa 668

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5  ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
   ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
   tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaa 180
   tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtcgctttt acggacactg aacggttgat 240
   cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
   ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataga agggagagac 420
   caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc 480
   agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgcttgggt cacagtgcc gcttacttta 540
   atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggtc tgcaatgtac 600
15 ttttaggaatt attaatgga gccaaacttg tgcttgtaa tttctttac ggtttgggca 660
   aaaaaagggt t                                     671

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

   agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
   ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctggtt aaaggcgctt atttccagg cagccgctgc 120
   agtcgccaca cctttgcccc tgcctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
45 ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgtaga cttctttggg aatgggccac 240
   cagtttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
   cgcttgtcaa tgtgacctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
   tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctggtgc 420
   cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggtg ggagttcaag tgccagcatg 480
50 gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
   agctagcctt cctgaccatt gtctgcattg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
   cactatgcct gcagctctac gcccaggggc tgtcgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
   tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcccc gcggacagat gctctccagc 720
   caccgcacga gtatgtgcc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgaa gatcagaccc 780
55 agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttcct 840

```



```

caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

```

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgtgcc acgccgacgc agaccctct 60
ctgcacgcc aacccgccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
cgccctggtg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgtga tggtaaaac240
35 ctccaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttctgtac cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc tttatcataa acatttttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 837 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

15 ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tctgttaacg gcggcggtgt 60  
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120  
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180  
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctct240  
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc300  
20 ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360  
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420  
cactgggggg gttgggggtg gcttgaaca cagggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480  
tttgtatcat agtaatcctg ttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540  
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aaccccggt acctcctctt tttctttctc600  
25 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660  
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720  
taacccttct tcaagatggg gtggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780  
aagtccttgg aaaaaataat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgcgc gtggcggttc cttgaggaag agtgagggtt 60
ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
5 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatgggta300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacatc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
atctgcttg atttattgt gttttgttaa cacaataaat aaatgtttg atataaaaag480
10 gaaagagaaa aattgcgcg                                     498

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggctcgagc tgggtacaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacagggttg cttgggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata atgcaattg 180
40 tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattt agaatgggat cgcgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaattg tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatc 480
45 aaaaacaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
tattttaaag gtaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttgaaaaa agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttgacttaa tgtctttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50 agaaaagatt atattattt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatattg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttctaaa tagaaataaa 960
tgatcccat ttttgtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077
55

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25

```

cgcagggtctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtgcacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaaactga gttctttgtg 240
aatcacatcc tccttgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
gacggatatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
tcgattcctc tcttgattaa tcattctcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420
gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540
cttcctgggt cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660
ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720
tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aaccctgctg ctggtgtaaa ttttgaggag 780
gctttgtttt tgggtgtttac tgaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcctat 900
atggccttat ttcctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgtc 1020
gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
aatgaccacc aaggttttta tcttctaacc agtataatag agcacatgcc tcctgaatca 1140
gttgaccaat ataggaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatgggtttg 1320
gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
gcggttgcca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccac tgatggacac tgagtatacc 1440
aaactgtgga ctccattatt acagtccttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgac ctgtaggtca aatgggtgat 1620
aaccacaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagtgtg ctaccgcctg tccaggaagg 1680
gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagg 1740
tagtagtagt tctggg                                     1755

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

25 gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgtgt cctcccgacg 60  
 cggaccgggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccgcgcg 120  
 acgctctccc cgagtcctcg gcccctccc cgccctctt ctccggcgcg gcgcagatgg 180  
 gcgccccgcg aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240  
 gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300  
 30 aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaag 360  
 ctggctgcca aatgttttgt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420  
 gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgatgag 480  
 agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac ggcacctcca tgtgctgggtg tgtgaacact 540  
 gctgggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600  
 35 tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660  
 ttgctggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720  
 acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780  
 aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt atttgaaaa agatgttaaa 840  
 ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900  
 40 ctggatcctg gtcaaaactt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960  
 caggggtctaa aagctgggtg tattgctgtt attgtggtt tgggtgatagc agttgttgct 1020  
 ggaattgttg tgctggttat ttccagaaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080  
 ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140  
 atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200  
 45 catctttgaa ggtcatgagt ttgtagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260  
 tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320  
 tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttgga ctccatcggt aaaattatt 1380  
 atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440  
 tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagtcctg tacatacata cttttttatg 1500  
 50 agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

gcgcggtatt atcgggtaga catctcgac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgacgc 60  
 atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatctt 120  
 gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180  
 25 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggg 240  
 aatggcacaa ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300  
 cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtggt tgataaggat ggcaagggct 360  
 atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420  
 aagaagttga tgaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaaaactatg 480  
 30 aagagtttgt acaaatgatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540  
 ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600  
 cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660  
 cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720  
 gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780  
 35 gagttggtca aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttagga 840  
 actgtcagca tgttgtgtgt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900  
 aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960  
 cactattttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020  
 ttttaaaactt ggtttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat 1080  
 40 tccaagttgt atatttgttt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 791 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

gcccgcgcg cggacccggc gagaggcggc ggcgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60  
 ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120  
 15 tttgcttcag ggtttcaccc aggatcgagc agggcgaatg gggggggagg caccgagct180  
 ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240  
 catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300  
 agactcccc cgagaggtct tttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360  
 caactggggc cgggttgctg cccttttcta ctttgccagc aaactggtgc tcaaggccct420  
 20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttctcccg480  
 ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctcctactt540  
 tgggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttggtggc ggagtgtca ccgcctcact600  
 caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttctcca660  
 taaattatgg catttttctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720  
 25 tttgtaatta ttgggggtg tggggaagag tggctctgag ggggtaataa acctccttcg780  
 ggacacaaaa a 791

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

tcttgccctc accatgaagt ccagcggcct cttcccttc ctggtgctgc ttgccctggg 60  
 aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaagctc ttcaaagctg gactctgtcc120

tctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagggccaga gtgactggca180  
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttggtgc atcaaagcc tggatcctgt240  
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgaact atggccaatg300  
 5 tttgatgctt aacccccca atttctgtga gatggatggc cagtgaagc gtgacttgaa360  
 gtgttgcatg ggcattgtgtg ggaaatcctg cgtttcccct gtgaaagctt gattcctgcc420  
 atatggagga ggctctggag tctgtctctg tgtggtccag gtcctttcca ccctgagact480  
 tggctccacc actgatatcc tcttttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540  
 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 643 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35 gggccgcgg ctcgggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggaacc 60  
 cgagcaggac tctccagtc tcaagtcacct tggacaaaga agtggtgatc ctgagattcc120  
 atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgct ggtaacaggt ggggctggct180  
 acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggtgg ctacttgct gtggtcatcg240  
 ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300  
 40 aggagctgac aggcgctct gtggagtttg aggagatgga catthttggac caggagagccc360  
 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgctg gggctcaagg420  
 ccgtgggcga gtcggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480  
 tccagcttct ggagatcatg aaggccacg gggtgaagaa cctggtgttc agcagctcag540  
 ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacggggtg600  
 45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

### 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cttttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcattcatcc480
tgaaaagaag gagacagga tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccctttt tccttctttc ctttcttctt tctctttctt tcttttttaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttgggaatt ggtgtggga                                     860

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5  cggggctcgc ccagcctggt ccggggagag gactggctgg gcaggggcgc cgccccgcct 60
   cgggagaggg gggccgggcg gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgcct 120
   gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccacgagc ggaaaatggc 180
   agacaatttt tcgctccatg atgcgtttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
   gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggccaggggg taccagggg ctccctatcc 300
10  ttggggcctac cccgggcagg caccgccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
   ctaccctgga gcacctggag cttatcccgg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
   acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gagcctaccc 480
   tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
   gcttggggga gtggtgcctc gcctgctgat aacaattctg ggacaggatg agcccaatgc 600
15  aaacagaatt gcttttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacag 660
   cttcaatgag aacaacagga gagtcattgt ttgcaatata aagctggata ataactgggg 720
   aaggggaagaa agacagtcgg ttttcccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
   actggttgaa cctgaccact tcaagggtgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
   tcctcggtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20  caccagtgtc tcataatcca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaga 960
   atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattca1020
   tcaatatccc tcttgtaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaa1080
   aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg1140
   aggggggggg tgggt                                     1155

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 522 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50  aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccggccac 60
   attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaatcttg aatgatacga ttatgcccac120
   tattaagtaa aaaatataag aaaagggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct180
   gatgaaggca tctgatgcct tcctctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca240
   ctttttgttg ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac300
55  tgctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta360

```

atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420  
 tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaca480  
 ttctaattaa aggccttgcac acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60  
 gccgcttcca ataggcgctc gccattgget ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120  
 cgcggtctctg aacgcgctga gggcggttga gtgtcgacag cggcgagggc gcgagtgaag 180  
 agcagaccca ggcctcgccg gccgagaagg ccggcgctcc ccacactgaa ggtccggaaa 240  
 ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctctccg gaggctcgcc acctgaacgc 300  
 gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttccgc acctgatcg gagaccccaa 360  
 35 cggtctgttg cgtcgctgc gcgtctcgcc tgagctggcc atggcgagc gtgctggctg 420  
 agggcgagcg ggcgtttctc gccctgctgg gatcgctgct cctctctggg gtccctggcg 480  
 ccgaccgaga acgcagcacc cagcacttct gcctggtgtc gaagtggtg ggcagatgcc 540  
 gggcctccat gcctaggtgg tggtaacaatg tcaactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600  
 atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgacca ggaggagtgc ctcaagaaat 660  
 40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcgatt 720  
 cctctgtccc aagtgtccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780  
 actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcaactggcc ttgccgtgca tccttccac 840  
 gctggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900  
 gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960  
 45 agaatectcc cctgccccctt ggcctcaagg tgggtggttct ggcggggctg ttcgtgatgg1020  
 tggtgatcct ctctctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc1080  
 aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaag1140  
 acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaaggag gggagactat1200  
 gtgtgagctt tttttaataa gagggattga ctcgatttg agtgatcatt agggctgagg1260  
 50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggtctg gcagggatgg gtttgccttg1320  
 gaaatectct agggagctcc tctcgcatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt1380  
 ttctctgctg atcgatttct ttctccagg tagagtttct tttgcttatg ttgaattcca1440  
 ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttgttt gtctgattta1500  
 tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa1560  
 55 tgtacaagtt taataaaaaa gggccttccc cttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1620  
 aaaaaaa 1628

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:
- 25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacagg 60  
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacggt aagtcctcc120  
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaal80  
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240  
30 cgtcctgggc tggctggccg tcatgctgtg ctgctgctg cccatgtggc gcgtgacggc300  
cttcatcggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360  
cgtggtgacg agcaccggcc agatgcagtg caagggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420  
gcaggacctg caggcggccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480  
cgtgctgctg tccgtgggtg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540  
35 ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtggt tctgtttggg ccggcctaata600  
gggtg 605

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

10 aggggggcg acagacacag actatgcaga tgggagtga gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
   ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtggttc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgac tcccgtggt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggcggcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gagtactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
   cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacccctaaa tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtgga atctttggaa caggaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaagcc atgctcaatg 660
   accgcccggc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
   ctgctcactg gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tggtgatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
   ggtcccagg tttgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgat gagctgcttc 960
   agaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagtga ccaaggatca 1020
   gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
   tttccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg 1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccgc cctgctgccg 1200
30 accgaggact gaccactcga ccaggttctg gtttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
   ctgaagtga gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa 1320
   aattggtgtt ctttgagaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
   tgggcgggtg tgtcatagcg acagtgatcg tcacacctt ggtgatgctg aagaagaaac 1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
   agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccttgct 1620
   tcaactacca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680
   tttactcatt atcgctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttga 1740
   ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctct tatactacat 1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga 1860
   ttctctcctg attatttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggtt 1920
   gtgacccaat taagtctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt 1980
   gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgac actatgcatt 2040
   ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgcttttag agatttttt tccatgactg 2100
45 cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac 2160
   acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct 2220
   tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
   taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat 2340
   tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
   aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt 2520
   caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgatata aaagaagatg aaaatggaag 2580
   tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct 2640
   tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa 2700
55 aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c 2731

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2194 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggg aagagagcaa tctaagaata 60  
 tatcacctac tttaatTTTA tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120  
 cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180  
 25 cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240  
 cgggtggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttctg ggtctcactc tctcttctgc 300  
 atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360  
 cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcattcgaat 420  
 ctactaatte cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480  
 30 ttgaagaaca tgtgagagggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540  
 ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600  
 tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660  
 tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720  
 acaggttaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780  
 35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aattttaatgc cgatatactc 840  
 tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900  
 tcttgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960  
 gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atcccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020  
 ccatattgag tcaaattggtg ggcatttcct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080  
 40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal140  
 aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200  
 agtgggtgca tctcagatca gtgtaccatt tgcctcccgg gctcaagcga ttctcctgcc1260  
 tcagcctccc aagtagctgg gattacagge acctgccacc atgcccggt aatttttgtal320  
 attttagtag agacagggtt tcaccatgtt gccaggctg gtttcgaact cctgacctcal380  
 45 ggtgateccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccgccgcc1440  
 cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttacia tttaaaaaaal500  
 tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaattc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaaggal560  
 gtcaaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620  
 cacaactttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat1680  
 50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac1740  
 ctggctcctaa ccctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacia ctgcctcgac1800  
 acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tgggtcacaca1860  
 ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920  
 tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980  
 55 tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgatttg2040  
 tatattgtgt ttgtgtatTT acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc2100  
 attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggcgtgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa2160  
 aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

25  
 cggaagggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60  
 ggccgcacgc ccaggcccg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120  
 aggaacacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180  
 tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaagc 240  
 30 taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaataaa 300  
 gtatatattat aaaggatttg agagcccgct tgacaatagc agtgcctatg tactgcaatg 360  
 gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt agggctccatt gttcgtgctc tgactgcaag 420  
 aaaaactgtg tagcttgcca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480  
 caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540  
 35 tttgccttct tgccttttca tatctgtaaa gaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600  
 tgaaaatttg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660  
 accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttaccattc aagtttaatt 720  
 gtgcaacttt taaccctgt tggctgggtt tttgttctgt tttgtttgtt attattttta 780  
 actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840  
 40 gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900  
 atatttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960  
 tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta1020  
 tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggccctcaa tttattttgtg gtcacccagg1080  
 gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttgttgg1140  
 45 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca1200  
 gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtgta atttaaaactc tgggcagcct1260  
 ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320  
 caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcagg1380  
 tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440  
 50 tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggaal500  
 aaccaaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc1560  
 tctaaaacaa accacctgac caagaggga gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620  
 gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg1680  
 ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaactt1740  
 55 cagaaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800  
 atttcgactt gg 1812

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tggatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tgccttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgacg aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
30 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcggttga ggttcccgc ctggcgcat acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg360
agatccagac ggccgtgagc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccac ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttctc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatgtagac600
ttttccacaa gctaaaagctg gctccttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtaccccaact ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```

15 ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
   accttttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgaccc 120
   gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgatttattg tggtgacaat 180
   tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
   gaaaaatggaa aacagatatac aggatgttga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
   tttgaatgcg ataaggggtt ttacctcgat ggacgagaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccagc tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
   tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
   ccaggatata ctaaacctga ggaaggaaata cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
   gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
   cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgcc 720
   agttcatctt ttgactctat taaaaatttc aatagttggt attctgtagt ttcactctca 780
   tgagtgcac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaattgtagt agcatccttt 840
   gatgcttctt tgaaacttgg atgaatttgg gtagaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
   taacacttag atttatttga ccagtgcagc cagcatgcct ggttgtatta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt 1020
   ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt tttgttcaa agattaatgc caactcttaa 1080
   gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatata gttcattgta aaaagccctt 1140
   aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
   aatatgcaca aacttggctt ctttaacca gaattattt ggaatttct ctaaaagtta 1260
35 atagggtaaa ttctctattt tttgtaattg gttcgggtat ttcagaaagc tagaagtgt 1320
   atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagta 1380
   ttcagaatca gatgcacctt ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
   tgccacttca tgggtcgaaag tgaacactgt agtcttgttg ttttcccaa gagaaactcg 1500
   tatgttctct taggttgagt aacccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
40 tccttaaaata aagagagggg ttaaacatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat 1620
   aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattctagt ccatttacat tgccttggct 1680
   agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaagtaa 1740
   gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaggga 1800
   tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac 1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc 1920
   cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagtgcac 1980
   aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg agatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
   agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttctt 2100
   cctttgtagt ctctggcaag atgctttagg aagataaaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa taccggtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
   gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
   aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgttcc 2340
   acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta 2400
   ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgttttaa 2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaaa ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
   tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaaatg gactcttgaa 2580
   atctgttaaa ataaaattgt acatttgga aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25  ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
    cgtcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctgg tgatcaccaal20
    ccggagaaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaal80
    ggaaccgagc ttgtaggtag ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggt240
    atcgtccccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
    cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30  gcctcagggt ctcttttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
    ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
    ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
    cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaattgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgctt600
    gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccgagga gaagaggagt660
35  ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
    gcttgctact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
    gacagacatt gcccggaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
    tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
40  gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
    aaaaaaaaaa aaaaac                                     976

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttcgggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggcctgtggt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
15 ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag aactgagggc tgtgctgaac 180
gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
gaatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagtta agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaaactga tgaattaact1020
30 taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtacccl080
tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcac atttgtaagc tagcagatct1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggttag actgcggggg aaagagagag ctcttttcgc1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaa gtacttcaaa1320
35 tggttaattgt tttgtttttg taatagctta acaataaac ctagggtttc tatattaaaal380
aaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

10 tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60  
ttttctttct ttcttttttc ttcccccttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120  
ttgggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180  
atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccaggt tttttaccg ctttttaaga 240  
tgccaattc ttcttctccc cccacccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300  
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgagggtgaag attccaatta 360  
cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtattta 420  
15 caatattaca gcaactagcag atcagtgctc acaactcatc tttttctgct gtatcctctt 480  
caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagtttgct gataattggt tgaacaattt 540  
cttccagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600  
gccattcaat cttttcttct acagcttttc ccatggctc cttatcttca gaggaaagt 660  
tacctcccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720  
20 actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttctcagca aacttctcag 780  
catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctggta ttgggtgattg 840  
tgatcttatt tttgttccct gtacccttgt ctccagctgt cactcgaaga ataccattca 900  
catctatctc aaaggtgact tcaatctgtg ggacccacag aggagcagga ggaattccag 960  
tcagatcaaa tgtaccacaga agatgattgt cttttgtcag gggcttttca cttcatagat 1020  
25 ccttgattgt aacagttggg tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg 1080  
taggcaccac tgtgttctt ggaatcagtt tggatcagac acctcccaca gtttcaatac 1140  
caagtgtaa gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga 1200  
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg 1260  
atggttcctt gccattgaag aactctttaa ccagttgctg aatctttgga attcgagtcg 1320  
30 agccaacaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca 1380  
ctttctggac gggcttcata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatggg 1440  
cccaggtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg 1500  
cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg ctttttctac ctccgcccgg agtttctgca 1560  
cagctctatt gtcttctctg acatctttgc ccgtcttctt tttgtacagt ttgatgaagt 1620  
35 gtcccatgac acgctgggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca 1680  
caacttcgaa gacaccattg tcaatgggtg gaagagacac atcgaagggt ccgccacca 1740  
ggtcaaacac caggatgttc ttctccctc cctcttctc caggccataa gcaatagcag 1800  
ctgccgtagg ctggttgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtct 1860  
tggttgcttg gcgttgggca tcattaaat aggtcgttac agtaacaact gcatgggtaa 1920  
40 ctttctttcc caaataagcc tcagcgggtt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa 1980  
tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cactccaat atcaacttga atgtatgggt 2040  
tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgctgc acagacgggt 2100  
cattccaagt gcggccgatg agccgcttgg cgtcaaagac cgtgttctcg ggggtggagg 2160  
tgagctgggt cttggcggca tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat 2220  
45 aggacggcgt gatgcggtg ccctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga 2280  
acacgccgac gcaggagtag gtgtcccca ggtcgatgcc gaccacgtg cccacgtcct 2340  
ccttcttgte ctctcctcgt gccgcgcgg cgtgagcag cagcagcatc gcggccacca 2400  
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta 2460  
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgggg tcacaaggcg 2520  
50 ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacggccg cggcgcttcc ctctcact 2580  
cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gaccttag 2639

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctccgcgcgcg cgcgggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctacacactg cccccgccc 60  
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccta ggcccgcctag ccgcgcgcct cctcctcagc120  
20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180  
cccagctcc aggtgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240  
gacaacctca agtgcctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300  
gaggggttcct gccccaggt gaacattaac ttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360  
tgccagggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatg ctgtgggaag420  
25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480  
agaaagtctc tgccctggccc tgcatctggt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540  
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccct tcccaaccaa taaagtaacc600  
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60  
 ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg ctctctgcca gtctgttcct ccccatggga120  
 gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaaga gaagacaaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180  
 5 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240  
 aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccg gtagttcacg300  
 ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360  
 aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420  
 aagatcacc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480  
 10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540  
 cagtgtatcg acggctgagt gcacagggtc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600  
 tgagggagct gggagaccct cccacagtg ccacccatgc agctgtctcc caggccaccc660  
 cgctgatgga gccccacctt gtctgtctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60  
 40 ttgcgttcca aggcattctgt gagccgcgg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120  
 cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagt atcattgaaa ttaaattgtg gcagacatgt180  
 ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240  
 gatggcgact agtgacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacgag gaaatagtat300  
 catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360  
 45 tcctctctcc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420  
 attagacttt ttgttaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtgttg tctcatctac480  
 cttataatat ctgc 494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

20  acgcggctga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtectcc ttcctggctc 60
    ctcccttctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
    cactctgcgc ttaccatggc ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
    cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
    tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
    ccgctttccc aggcgcctgg tggctcttgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25  gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
    ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggatgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
    cttcgccctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacctatctt ccctcatgac 540
    cgatcccaag ctcacatatt ggagccctgt gcgcgcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
    gaagtccctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30  catcaacatt gacctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
    tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
    caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatacag tccccttcac tgcagagcct 840
    tgcctttccc ctctgcctgt ttcttttccc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
    tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35  ctcattgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa1020
    taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

```
ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcgtc ttgcgcgtct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acatatctct ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtcaa atctttttca aatttaaatgt atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420
15 tacttgagaa atgtacaaat ctttcaccca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttcagctc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648
```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

```
ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
50 ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtctca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttacct tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaaga ctccttcatt tacgacacct ctcaagaggt 600
```



```

ggccgaagct ttcctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga 1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg 1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata 1140
10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttggggt 1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacctcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca 1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctgggaagat gttttctacc aaatgatcga 1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta 1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ctttcaaagg gacacgagag 1440
15 ctgtatgggg gctgtgtgtg ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttactgt 1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggctcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat 1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
gactatcagg cccatttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
20 tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaagaaaa 1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgtctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaaact tgatgtgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcattcagca ctgaagtcag 360
ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55 acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatgggttg cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
5 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttgaaaagc atcaggaaaag aggttaaagg 840
agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
aatcatgggt tcccgagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
gtacggcaag tcctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaaagc1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140
ggtgctcacc atgcttccag ctaacagggtc tagaaaacca gcttgogaat aacagtcccc1200
gtggccatcc ctgtgagggg gacgttagca ttaccoccaa cctcatttta gttgcctaag1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgaagccaa agaaatgaac attccaagga1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctgggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
gctctgggac tgagctgtac agtatggtt cccctatcca agtgtcgcta tttaaagtaa1560
atttaaataa aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgcagctg accctcgtc ccgccccgc ctggagtcg acgtggaagt tgctggctga 60
45 ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
ggcgagggag gacagggggg tcatcatggg tggttttttc tcaagtatat ttccagctct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgtttga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccattttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtta cttcacacta ctagatgtta 780

```

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840  
taagtatttta gttggagggg taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900  
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatatctt atttgtatgg aattctttatt 960  
5 caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020  
aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLTSY WWVITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60  
25 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIAVVRD NIAISGMLQA60  
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60  
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTLTFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60  
35 SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVFYKNS60  
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYTFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHYKTTTS60  
LDTMCLPTIS SLNMFHQLRC LV 82

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTQVN ADYSLAPPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60  
EWNQKNVSW 70

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60  
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LRKRFETTAV120  
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180  
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240  
RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300  
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINS DT NIRWNNYIAG360  
10 RAFVLCSAVS DDFDFTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420  
GKY 423

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFERRAHQGNL ESQLTSESY KETLSVPTVE 60  
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTESEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120  
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180  
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDLD LMVDYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60  
LPLFLVNKLK GTDVGLEQGL SGEGGSWTA 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60  
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60  
ADVYGKKEQK M 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAESPWS60  
AMYKLG 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60  
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60  
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120  
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVDDK RVKQMKARQN120  
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPQGKPMQ QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60  
SEKSSAASEE EEEKESEEA LADDDPECKK CGLPNHPELI LLCDSKDSGY HTACLRPPLM120  
35 IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180  
PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240  
GRGKDITIT GHRGKDITI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180  
SSTSS 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPFAE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60  
EEFIERCFQE MLEEEHEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120  
NAKEFVPGVK YGNI 134

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60  
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120  
SFSIHMYSAN GLSSS 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLEDFDFF FFYVIFGKTH SELYLST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILYLYKC60  
L 61

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

5

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

10

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

25

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

30

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

45

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVLRLGLHG 60  
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADFPVP PGRAGDFSPD DASASGPRGG120  
AATKAGFAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60  
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGQSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60  
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120  
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180  
KVVYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

5

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDL60  
RF 62

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60  
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

50 SLLISRKIKQ NTSPARLTCV YIYIKQRATP TSQQLGGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60  
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:



- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVVWVF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60  
KREKGKGKRRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILIYTSHE FLPLVTIQML PSIIQIAQP60  
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60  
KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

30 TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60  
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120  
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

35 (A) LÄNGE: 439 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

50

KSLFLTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60  
KDCSMAALTS HLQNSNNSN WNLRTSRKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120  
EDEGVDDVNF RKVRKPKGV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSKIINK240  
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300  
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360  
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSEAVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420  
5 EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTQMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60  
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60  
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60  
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60  
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60  
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFICLST SA 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60  
PLPQSHQPAR GAD 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120  
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60  
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQOK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60  
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPWCCLD DWPSEKAMY PDYFAKREQW120  
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWYIIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAY 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADVVCNI R 131

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
50 PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60  
EALLNKTMRI RMTDGRITLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDFSFSAGE PRVLGLAMVP120  
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60  
LQSRSVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPSTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGGET RGCGRQERKA60  
ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60  
LVSPFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120  
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60  
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120  
YLRTVSAP 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLPF SLFSLRSLFQ60  
FPSDLPLVPL ESQRL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60  
FP 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60  
QTLRSWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60  
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLO GAGLQQAQNA AYSVSLPPGC VGHLWPHLRL 60  
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQSP120

GCYRY

125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20 RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60  
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGLI20  
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180  
25 SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60  
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPCCGHR F 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIIWETDYNH SGTIDAHMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60  
LETLFKLFSL LDEKDKGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60  
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5 KTTIHGPCQN HLPPhCFLK RpgTLsKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFGG60  
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPPSRSSSL AGQTNTQHSH SARES

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSLSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60  
ISWASMVPEW L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60  
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDTL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60  
VSTYRISR SQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSRLAAV A 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSPQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLA AH ASLRFACLL L LFNRRFFGRQW IFLLRLCLLQ 60  
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60  
LFEKGDVNGE KEQKFYTFLK NSCPPTAELL GSPGRLFWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120  
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45

LMPPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60  
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120  
WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180  
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDIT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240  
KKKKRKKKKK 249

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60  
SSGPVGGRRR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120  
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60  
DSSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60  
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPL RPALNFVGTE LGISPVARPH120  
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60  
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120  
30 NQQKEKKEKK KKRSEFKQMG RRHNL 145

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50

PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60  
LKKTAVKTVW VEGLSEDGFT YYYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120  
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180  
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

- 20 GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60  
REEKKILQR ADG 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60  
KGNEVMIQ 68

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQSVS VVNEHNVANV 60  
DNNNGWDSWN SIWDYGNFPA ATRLFQKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQGGKGP120  
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIAM CRGIPTMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180  
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHVFVN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60  
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60  
LLLLLALVAGE VLQDHRLLAQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFAF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLCLAE KPLAFFFFSL 60  
RLWRVKYSRT TALRCWSSR ACGLMRGVC A SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120  
RSHSSFSDRF RRLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGY RNPSTGNKAH 60  
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKKAGF 60  
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120  
15 GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180  
GSKFQLRSSE RSAKKFKAG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLI SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60  
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120  
FISAISRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180  
40 RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240  
NSLFTGDTLG AGQFSFORPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLNVRNLEES300  
SGVENSPAGA RPKRKNKKS DLTVPDKFWQ KHKGSFFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360  
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSVAV SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420  
LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480  
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540  
45 LVLKQQNLPV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600  
GGNYIEYQNL VDYIKGQGK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLFFSRMP ICEHMOVESPT 60  
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGK C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35 QLGWIFYFMS YPLHAHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60  
SPSVPQTRL D IWEQVG DSTM CSQM GILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120  
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKVV60  
CSSK 64

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60  
ITVASTS 67

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TIISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHQAQ 60  
SDSLLTGMAF FKMREMFED HIDDACYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

50



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60  
IYTRKRSINI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120  
LRCHSYKPP ISHPYWNNP SRMNLRLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYR GPSNRSPPLP180  
PRNRIKQPNR IKLRCL 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH  
35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFITAICA 60  
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIHSLAD120  
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGIFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60  
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120  
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

30

NMLLAEVRIS MVRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60  
ILSSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120  
GDSRRMKIK 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

35

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60  
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20

SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60  
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120  
TS 122

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HSLSPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60  
RK 62

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFRL GLAECVNIID60  
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60  
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60  
YGGI 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60  
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88  
25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAKQGQM 60  
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKL PQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

50

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60  
GVFRRPNRNS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60  
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120  
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI V LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60  
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEEEAE120  
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEALEA MQSRLATLRS180

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRM RG R RKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FEGGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

50 KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60  
EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSQVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- 50 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

15 KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60  
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120  
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180  
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

20 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

35

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLRL 60  
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQRTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120  
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5

RRLEVSQRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YR 132

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

120 LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60  
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120  
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50 ATLPDALPPA TKFFLKAFFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60  
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
5 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTCKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRACAL CLRPSTQPNT TYLRKPGRK RAVGHKSPAE60  
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60  
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60  
DMLYSAGSRV SGRVRRDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

25 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRV VTTSVKGPLN 60  
LRVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120  
STTFLCWQIC FQIDF 135

## 50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60  
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFICC120  
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGN GAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180  
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60  
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120  
PGSTVTVSVM LQPFDDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180  
FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240  
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDEVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKETFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60  
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGDDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60  
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120  
 AVAAMSKDN NMQHRYIELE LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180  
 5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYYGQGG MSGGGWRGMY 220

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60  
 TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120  
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180  
 ACAGCAGAGA GAACAACCTGG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240  
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTTGA TCCTGACTCG 300  
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360  
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420  
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480  
 CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAGG GGATAATTTT 540  
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600  
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTTGGCCTTT CCCTTGATAT 660  
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACTTC AAGTTTATC 720  
 45 ATTTGAACCTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780  
 AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840  
 CTCTTGACCC TGCACGTGTA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900  
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960  
 CCTCAGACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTT GAAAAAAGTG GGCAAGACAT 1020  
 50 GATTAATGAA TCAGAAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAAA 1080  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

### 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1088 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:
- 20
- ```
ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACC GG TGTT 240
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCCG CGACATCCCT 480
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTTGGCCAC 600
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660
TTAGTTTTAT GCTCCCATG AAAAATTTT CACTATTTT ATAAGCTGTT AATTTCTTGA 720
GTACTTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGGATA AACCAAGTAA GTATTTTTT TTTGTCTTTA 780
35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840
TTAAATTTT GCATGACTTT TCATCTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTTATGATA 960
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080
40 AAAAAAAA 1088
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
45 (A) LÄNGE: 3292 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

ATGCCGAACT TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60  
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120  
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180  
15 CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240  
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300  
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAAACAGAA AAAAATTGAT 360  
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420  
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCCCT TGAAGAGAAG 480  
20 GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540  
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCGAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600  
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTTCTGAG AAAGCGGTTT 660  
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720  
ATCTGTGAGA GCTGTATTCT AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACTTCTTT 780  
25 TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840  
AGGTTTGTGT ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900  
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960  
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAATG1020  
30 AAAGTTGTTG CTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080  
TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140  
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200  
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTC GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260  
GGAAATCTGC CATTTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAAC1320  
CCTGCAAGCA CTGTGTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380  
35 AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTTNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATTT1440  
CATTTGTTACT ATTGTTGTTT TTAATAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500  
CCTNCCANGG GGCAACCTC GTGATGTCTT CTTTGGCGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560  
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620  
TTGAGGAAGC CACAAATTTG GCAACCAAAC TTGATATTCA AATGAAACTC CCTGGGAAAT1680  
40 TCCGAGAGC TCACCNAGG GTAACCTGGA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740  
AAGAAACCCN TAAGTGTCCT AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800  
TCAGAAACAG ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860  
CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCA1920  
ATCCTGACAC GCTGTCAGCT GAGCTTCATT GTTGGAGAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980  
45 AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTTT2040  
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100  
ATGAGCGGTA TGAAATGGN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160  
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGA TATTTAAACA2220  
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280  
50 TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340  
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400  
TCTTTGCCA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460  
CCCCGTGTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTC TTCCAGAAAG GAACGTTGAA2520  
AGTGCCATGT TTCCNTTTTG CGTGATCTCT GTTGATGGCA CTCTGGAATT GTTTCAGTTA2580  
55 AGTCATTTTA GACATAGCAT TTATTATCAT TGTGGNATCT CTAATTGTTG GGTGTTATGA2640  
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700  
NAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAAGTA2760  
TNGTTAAAA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAATT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820  
CTCACCNAAA CAAGGNATTT NCAAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880  
60 CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940  
NNTACANTTC CNNTTTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTNA GCANGGTATA3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060  
 TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120  
 GATTTATAAG CNAAAANCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180  
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240  
 5 TCAATCTAAA TAAATGTGA ATTTTGTTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:  
 30

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60  
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120  
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180  
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240  
 GAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300  
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360  
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420  
 AAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480  
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540  
 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600  
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660  
 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720  
 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780  
 45 CCACCTTGCC AACATAAAT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840  
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900  
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960  
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020  
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080  
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140  
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 55 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```

AAGGACGCTT GCCTTTTTC GGTCTGGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGTGTTGGTGG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120
TGCCTATCGA AAAGTGTTAT TTCTGTTTCGG GGCCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTTCAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAAGTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTT TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GACTTAAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAAGTATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAG ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTTG TATAGTAAGT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTCTTTGCA GTAAATATTT CCTTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCTCTG TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCTTCTT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA FTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTTCTT TTAAAAAGCT CCTGTTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC
1467
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

```
CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120
CAAAGGTGT TGGCGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTTG CCCCCTACTG GTTGGTATAT TGTGACCAGA600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA
```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTGGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAAATTA TGTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTCGGCTCG AGCTTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTGGT CTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAGG TTATTATACT1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAATATCTA1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCACCTAGA1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380
25 CTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTG TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTTCA TGTGGTGTAT1740
TATTAAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTC TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860
TGTCCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTT CTGCTGGATT1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTC GTGCCCTCCT TTCTTGATATC1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCAGCT2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100
CCTGGGAATT CTTGCGATTG CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5  
 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60  
 TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120  
 GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180  
 TCCTTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240  
 10 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300  
 AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360  
 CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420  
 TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCCTC AATCTGGTTT 480  
 ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCCAGG ATTATGTTTG 540  
 15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600  
 CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAGTTTGC 660  
 TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720  
 CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780  
 TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840  
 20 GGTTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900  
 CTAACAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTTC TCCAAAAAAA AAAAAAAA 960  
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAATTGCC CCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50  
 AATTCCGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60  
 CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCAAGAC GCGCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120  
 NCCGGNNTC CTGCCTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180  
 CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240  
 AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300  
 CCTTTTGTG AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGC CAATACCTTG AACTGAATGC 360  
 55 ACTACAAGAA GAACCTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCT TCCAACCAAT 420  
 TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAAGTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTGNN 480  
 ACCAGGTNNG GGGGCTTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

5 TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600  
CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660  
CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720  
TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780  
TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840  
CACCCTACCC CTACCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900  
GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCGAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960  
AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020  
CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080  
10 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140  
TTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200  
CTCAAANCCN TGANACATNC ATT CNTTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCACACN1260  
TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320  
AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380  
15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440  
GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500  
GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCGGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560  
TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCCTCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAA1620  
AAAAA AAAAAA AAAAAA GG 1652

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60  
CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120  
ACCCCTCGATT GGT'TTTTCTT GGCATTTAGA TGT'TGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180  
ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240  
50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAT AATGAGAGAA 300  
ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGCT 360  
TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGGAAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420  
CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCGAG CTACACACAT GCTTGATAT 480  
AGGTTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540  
55 GGCCCATTTT ATGTCTGCTC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCTATCT CAGATCTTAA 600  
TAAAAAGAAA AAAAAAACG CATTCAAGGT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660  
GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720  
CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780



ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840  
 GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900  
 TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960  
 TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTGCGT TCAGCGAAAC TTAAGAAAGA1020  
 5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAAGTGC TGTTTCTGTA CGTAGTGTTT AATCTTCCAA1080  
 GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140  
 TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200  
 CCAGGAAGTGT GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260  
 TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320  
 10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380  
 GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60  
 AAGTCGGGGA TCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120  
 40 CTCCGGCCTG CCAGTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180  
 CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240  
 GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300  
 CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTTCGA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360  
 GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420  
 45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTCAAC AAGGCCATGG480  
 GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540  
 GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCCA600  
 TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCAGGTT CTGGATGAGC660  
 TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTGCA ACCTCCCCTC AACTGGGGGGC TCGCTTAGTG720  
 50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCTCAGC CTTAGCTGAT GCTGATGCAG780  
 ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCTGCCA CTCCGAGATA840  
 ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAAGAG ATTTGACACT900

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

20  
GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAACCTGA AAGCCGGAAG 60  
GGGCAAGACG GGTTCAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGAAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCCA 120  
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180  
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240  
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300  
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360  
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420  
CCATGCAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480  
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540  
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTA 600  
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGAAGTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660  
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720  
TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGCAGCT AGGGGCTGCC TACCCCGCTG GGTGTGCACA 780  
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840  
TACCATTTTG GAGAAGGTTG TGTTTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900  
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTATG GAGTATAGAC 960  
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020  
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080  
40 GAATTTTAAT AAATTTTTC TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCCC TGTGCAGTAA1140  
ACTTT 1145

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

15 GTTGCGACAT GCAGTGCGCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCCG 60  
AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120  
CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180  
GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240  
TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300  
TGGGAGAAGT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360  
TAAATTTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGAGC 420  
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480  
TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540  
TGGTTTAAAC GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAATTCAT 600  
GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660  
GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720  
25 ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780  
CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840  
TGCGCCCACT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900  
CTTTGTGTCC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960  
TTACTCAGTG GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCTCTC TGTATGATAC1020  
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAA AATATGATCC1080  
CATTAACTCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTATGC GAGTTGCAAC1140  
TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200  
TACATCAAAT ATCTTGTTTA ATGGGCGAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260  
TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320  
35 GCCTCAGGTC TGCCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380  
ACACATTTTC AATTCATCAT TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAAATA1440  
AAGTTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCAGTGA1500  
GTAACATAAA TTTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560  
TAATGTCATA AGTGATTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620  
40 TCTTTTGTGT TTTTAAATAC TTAGAACTTA GCACTTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680  
GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740  
TAACAAAACCT GGTTCATCC TGGAAACAGG CACAGGTGAA TGCATTCCCTC CTGCGGTTGG1800  
CTCCCAGTG GCCCGCCTTC CCATATAGGA TGTGGG 1836

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```
15 TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
GTTTCTCTTG CGCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
20 AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
TGGTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGAAAATG CTGGTATATC 540
CATGACCTCC TGAATATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
GGCAAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
25 GGAAGTCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
CTGATTGAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
TAAGTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTACTA AGTAGCTGCA 960
30 GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCTCTGTT TAAAAAAA1200
AAAAAAA AAAA1220
```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

```

5  CGCAGTGGCG AGGCGTGGGG CTCTCTCCTT GTCAGTGGGC GCCGCGTGCG GGCTGGTGGC 60
   TCTGTGGCAG CGGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
   CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCCCTCAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
   ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
   AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
   TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAAACTTCG CTATGTTGCG AATTGTTTCC CGTATAAAGG 360
10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
   ACATACTGGC TGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
   ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
   AGGGGAAACC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
   TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAG ACCAGAAAAT GAGTTTGCGT TTAATGCAGA 720
   ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTAAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAGC 780
   ATTAGTGACT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
   GAGCCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
   CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTCAT CTGGATGTAT1020
   TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
   AAATTCGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTCAT1140
   ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TTAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG1200
   TCACTTGTA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
25 GGAAATAAAA TTATTTGCT GAAACTTGA AAAAAAAAAA AAA 1303

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

```

50 CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
   TGGACGTGGA ATGGGCCGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTTGATAG 120
   GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
55 TCACAACCTG GGAACGTGCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
   AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
   TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAA 360

```

AGAGGAGGGT CCAAAAGAGA TGA CTTTGA TGAGTGAAG GCTATTCAA ATAAGGACCG 420  
GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAGAA 480  
GGGATTGT CTTATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540  
CCATCATTTT CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGCTCTAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600  
5 CCTTGCCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGCG 660  
CCCAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720  
AGAGGCATT CAGCTCTGG CTTAACTGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780  
ACCCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAAAAA 840  
AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900  
10 GAACCTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTTGTAT TTAGAAATGT 960  
ATTGGTAGCA GGGATGTTT CATAATTTT AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT1020  
GTATTGCTGC TTGCAATAT GCATTTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC1080  
CAGTTTAAAG CTTTCACTT ATTTGTGTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT1140  
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CTGCTTTGC ATATTCACAC1200  
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAAT TTATGCTGTG TGGAATACTA1260  
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTAATAT TTTCATTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC1320  
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTT ATACAGAAAT ATCAGTACTT1380  
GAACAAATC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCAT1440  
TGGGGTCCAA ATTATACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT1500  
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA1560  
CGGGCCAG 1568

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

40

KQVKCAKVS LLFLFYCAI DSCIKFVNAG SSWLSSVT LW SMSSVLSAS NVGRVRIKSE 60  
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL120  
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

**(vi) HERKUNFT:**

**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

```
Name: 275          Len: 143  Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVVGVSAV LGTGLDELFLV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFM QESMAQYWKR NNK                                     143
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

25 (vi) HERKUNFT:

**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

30

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLPK180  
T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQAL60  
RDVGGLFVLH VDVQLQHLLPM PQLCQVLLD 89

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

25

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60  
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120  
ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180  
IPLDGHEADE IPEGLFTPDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240  
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNL EEFIGFLPYE300  
ADAEILAVKF HTMITKWL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360  
SCALNMWLAK SVPVMGVSVA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

35

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

50

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60  
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:



- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

20

```
GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGRTL RRSRISRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEDED EEEEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEEKESEEA ILADDDPECK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLCE KLEEQLQDLV VALKKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKKSKA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398
```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

45

```
SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGRRPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRHT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180
VDSSTSSSP SPLFLSAF 198
```

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGR L FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60  
VRNDCKVERF CKSKCHKNFK KKRNP RKVRW TKA FRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120  
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180  
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH  
35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60  
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

45 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60  
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120  
10 YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180  
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAY 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
35 TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPRWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## 50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35

GGXGXQLLXP XAXQGXPAA S CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60  
MDLHGFPKEX GXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120  
WXRTYLRG S ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

45 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

5

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60  
XEXMXXGFEQ NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXXMDH XXGFQXRQIR120  
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

30

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSSLTGMAFF KMREMFEDH IDDAKYCGHL60  
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

35

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

50

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAKQGQM 60  
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMND A IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180  
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

45 KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60  
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120  
FSCLEFVPM A LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR T 166

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

50 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15 KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60  
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120  
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180  
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

35

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FGEQSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120  
SAHEALLKI 129

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGR TGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGA AVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHS GVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
10 CAPSEKFLNM GAPLG VGLGL VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30

RVAPATVVG R NIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

35

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSRYQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV1180  
QHKEKCNQ 188

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60  
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120  
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- (A) LÄNGE: 320 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300  
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60  
AEAAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEEDSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLPCTRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLEFVRK 60  
VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120  
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180  
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60  
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120  
ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180  
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNEVVCF 208

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovartumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 35 5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 5 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.
- 45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 50 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.



32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

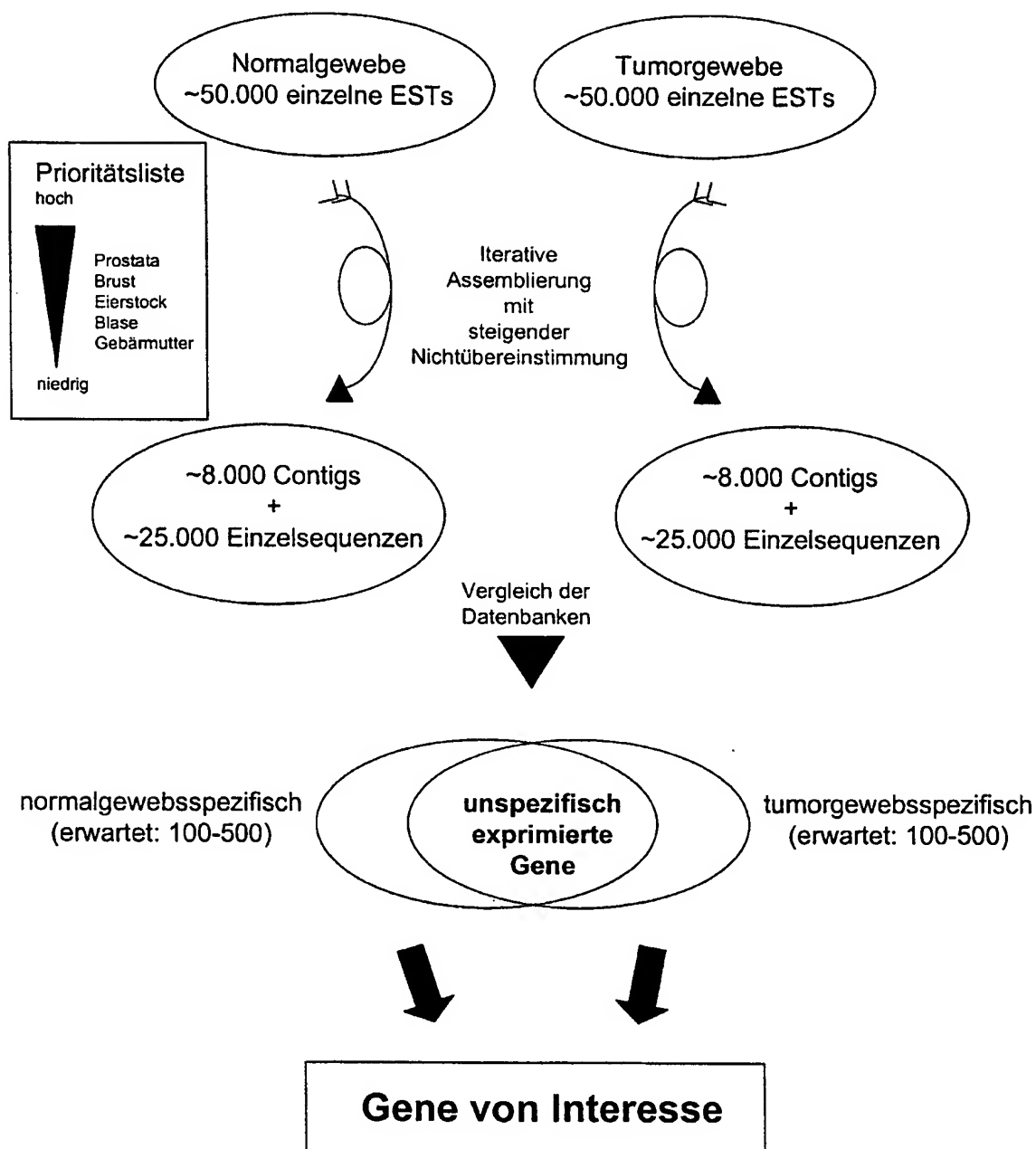


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

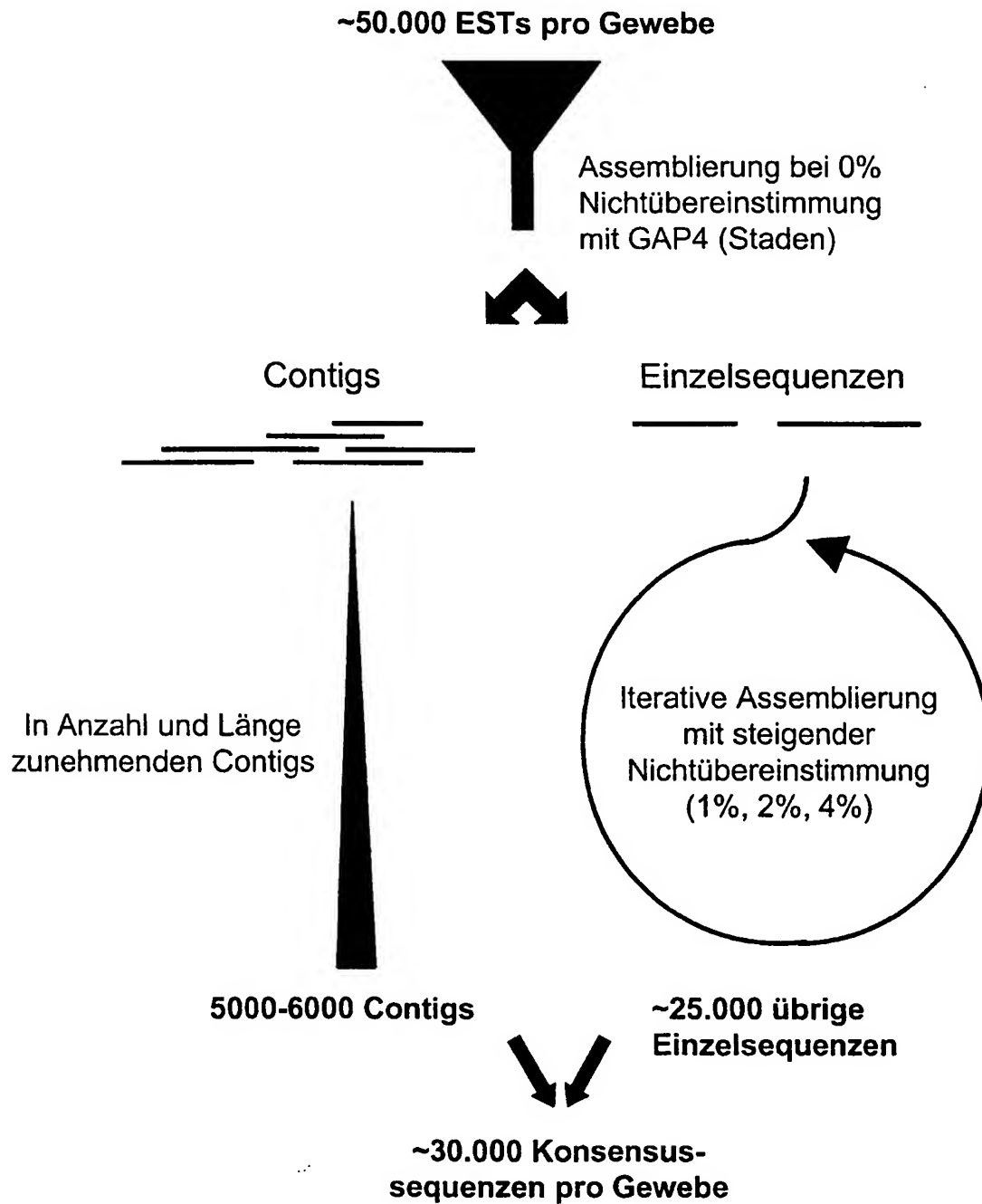


Fig. 2a

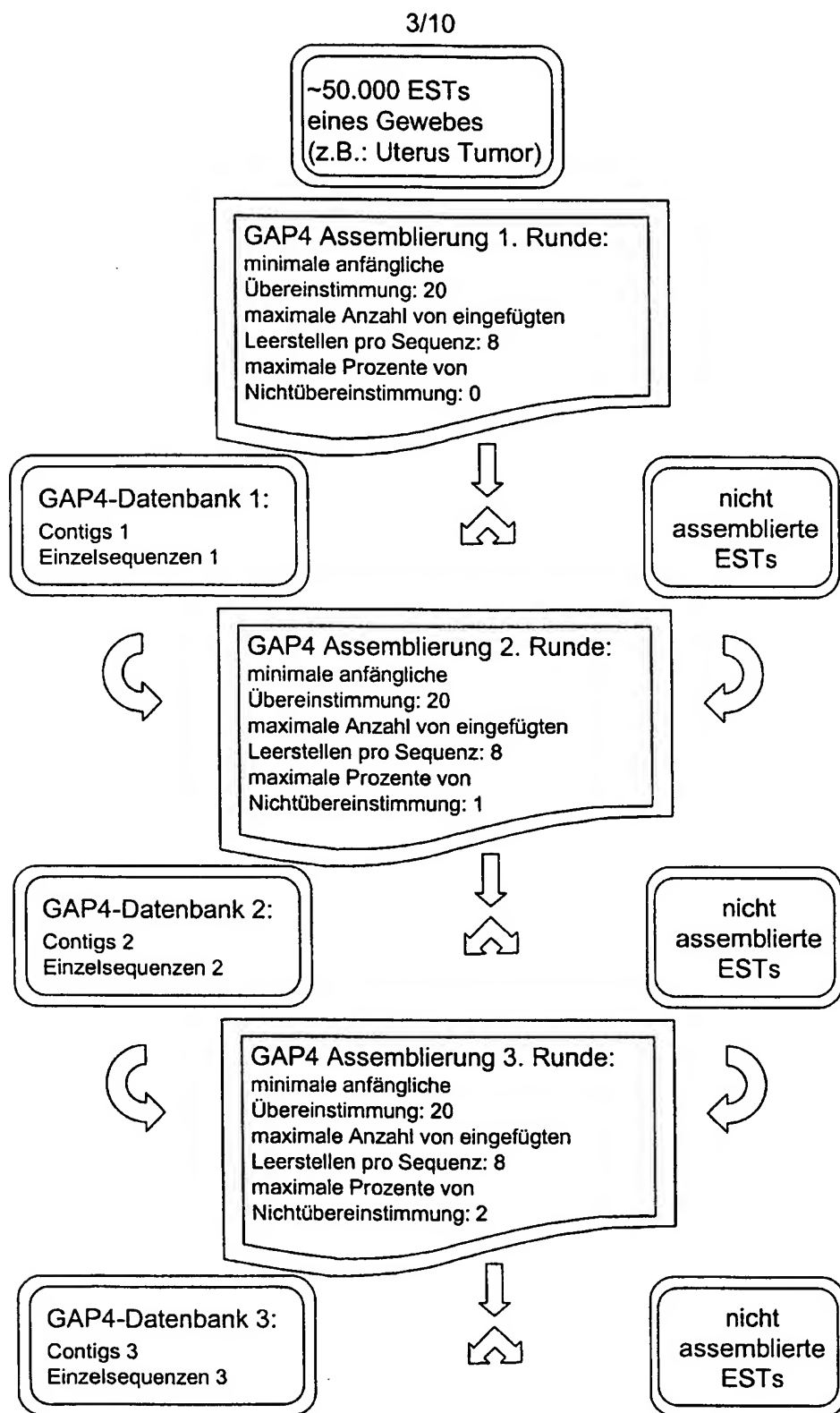


Fig. 2b1

4/10

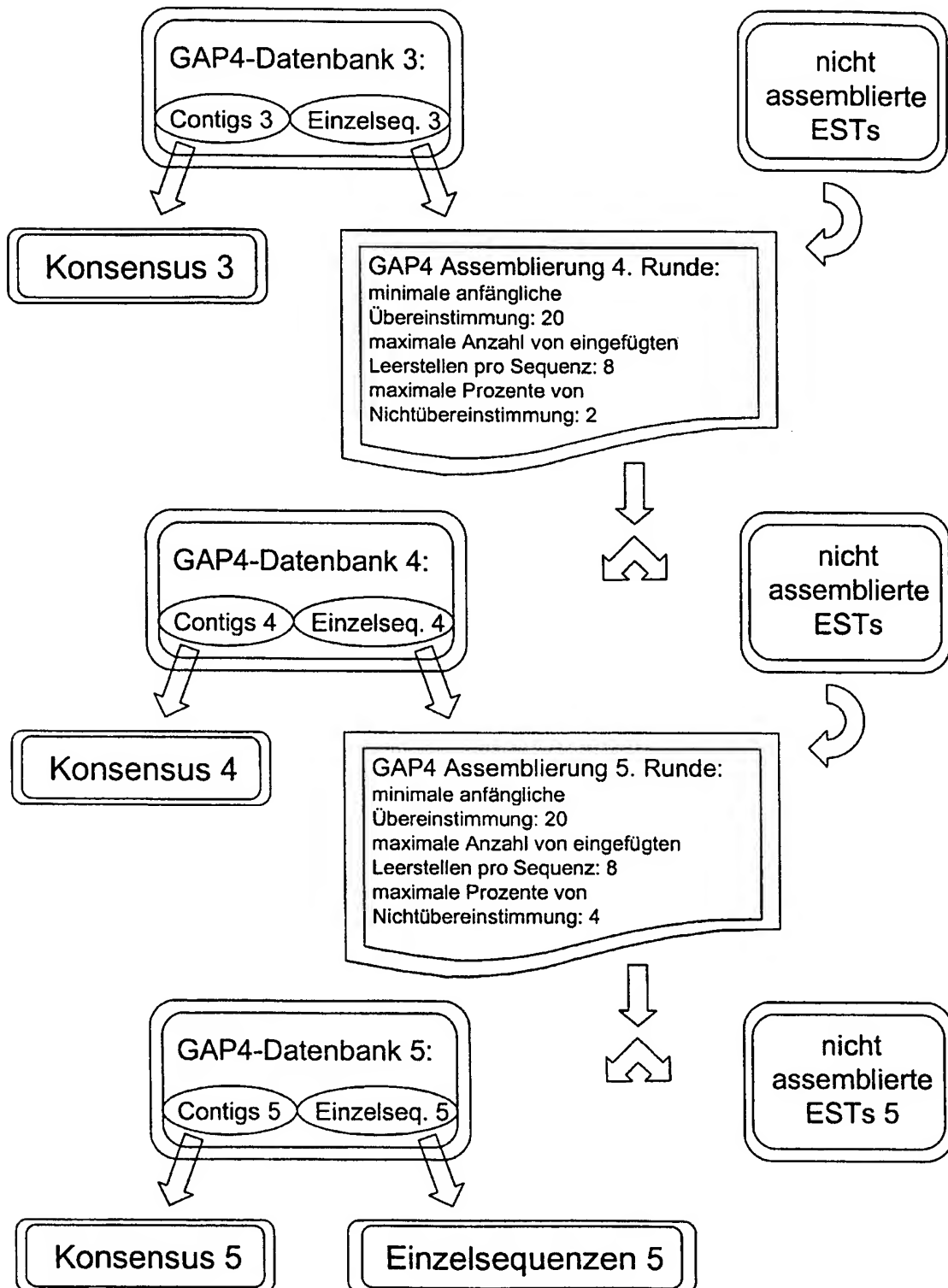


Fig. 2b2

5/10

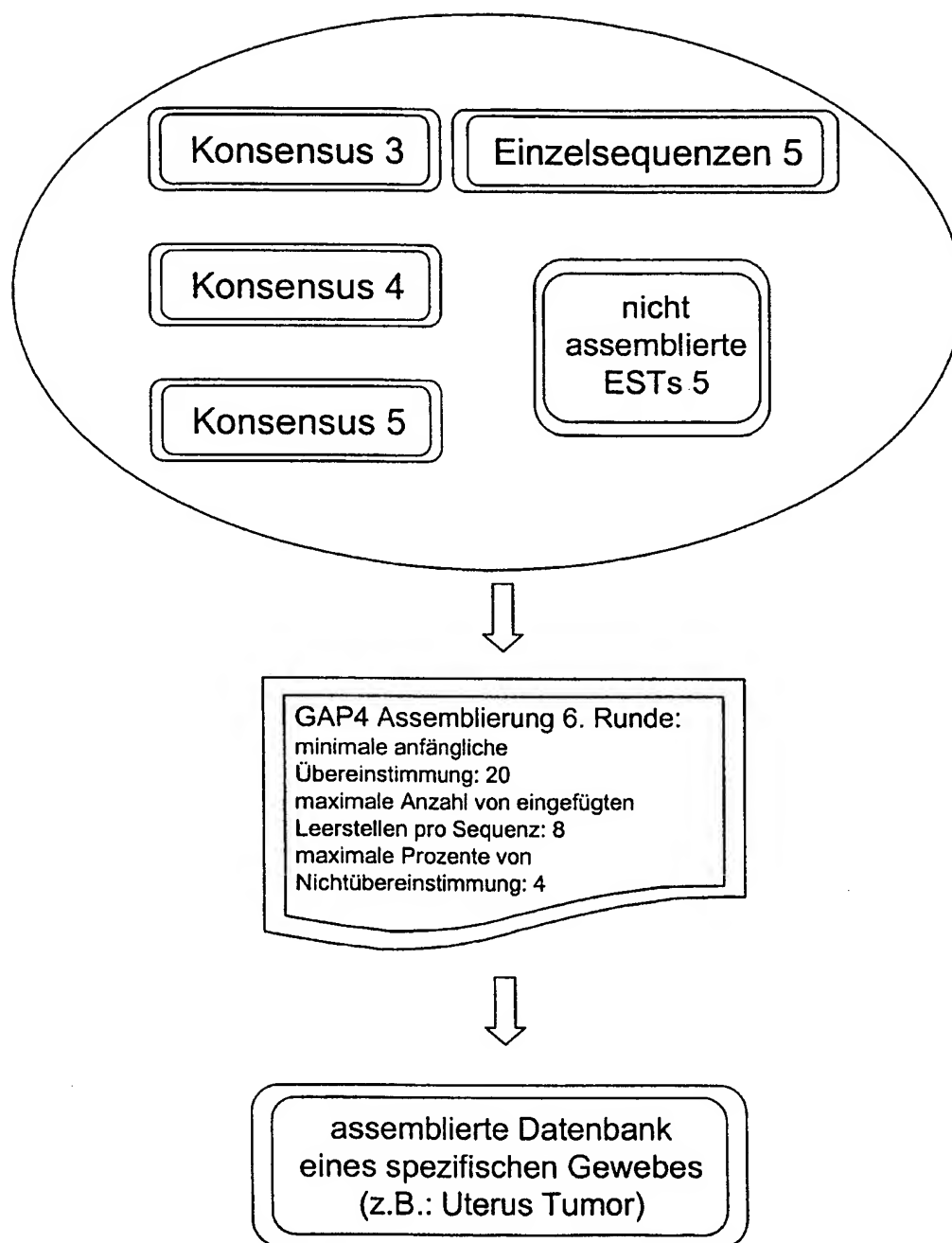


Fig. 2b3

6/10

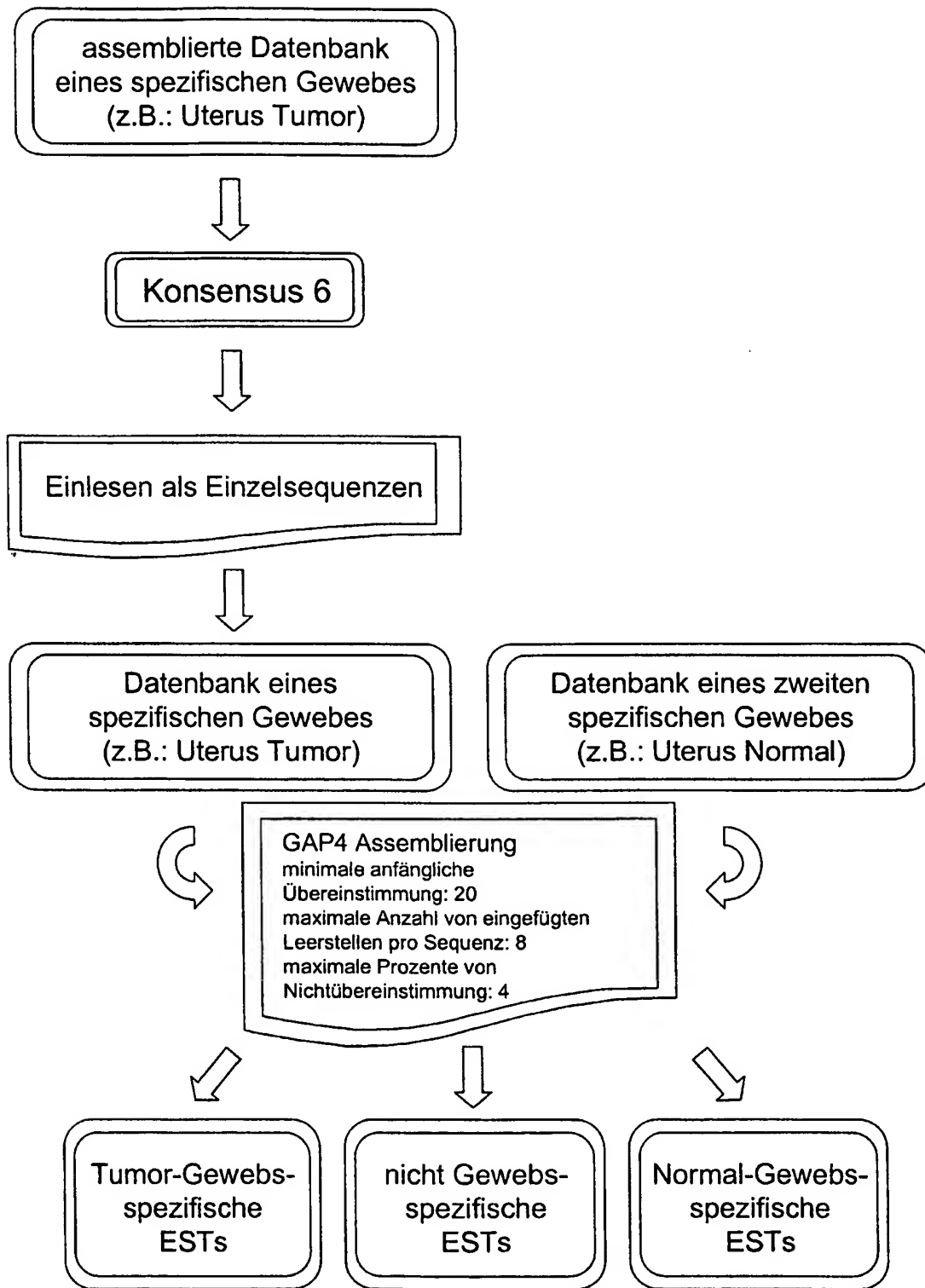


Fig. 2b4

7/10

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Tumorgewebe

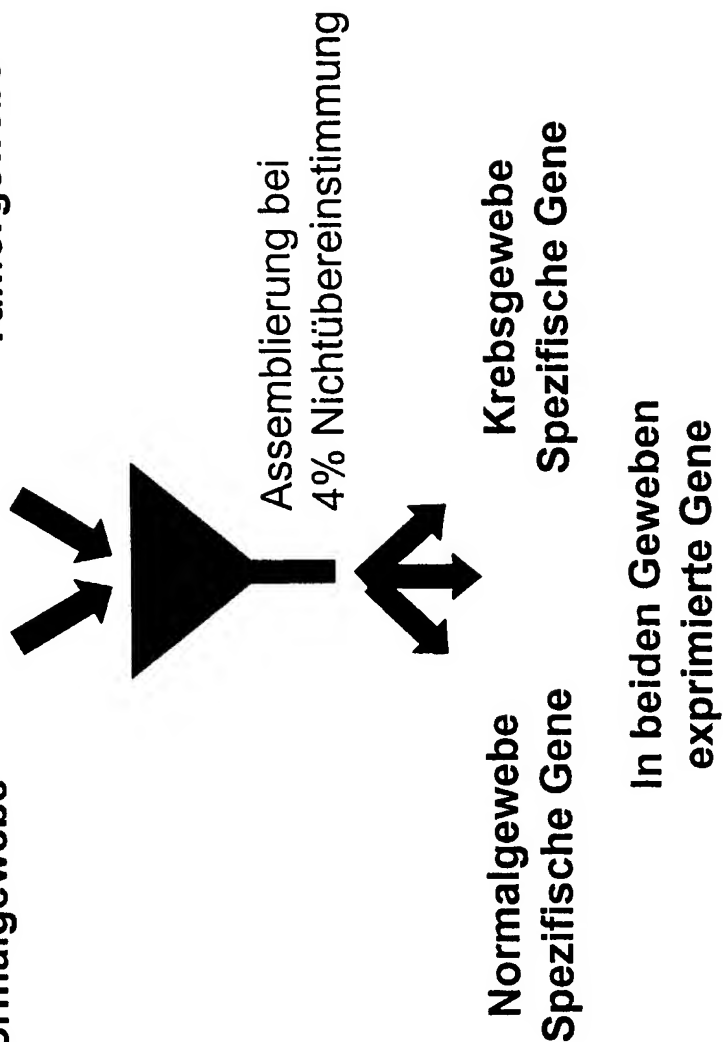


Fig. 3



8/10

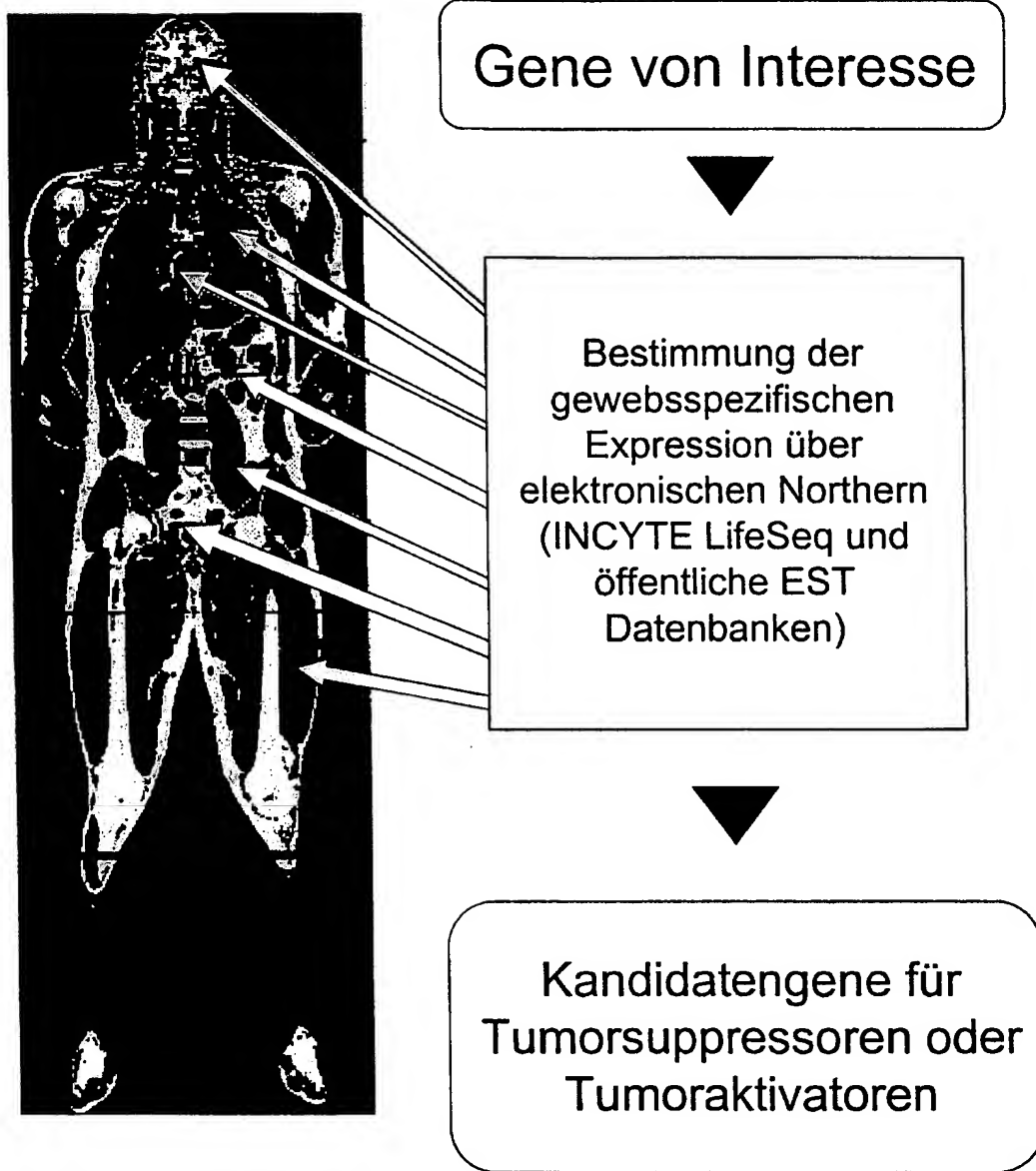


Fig. 4a

9/10

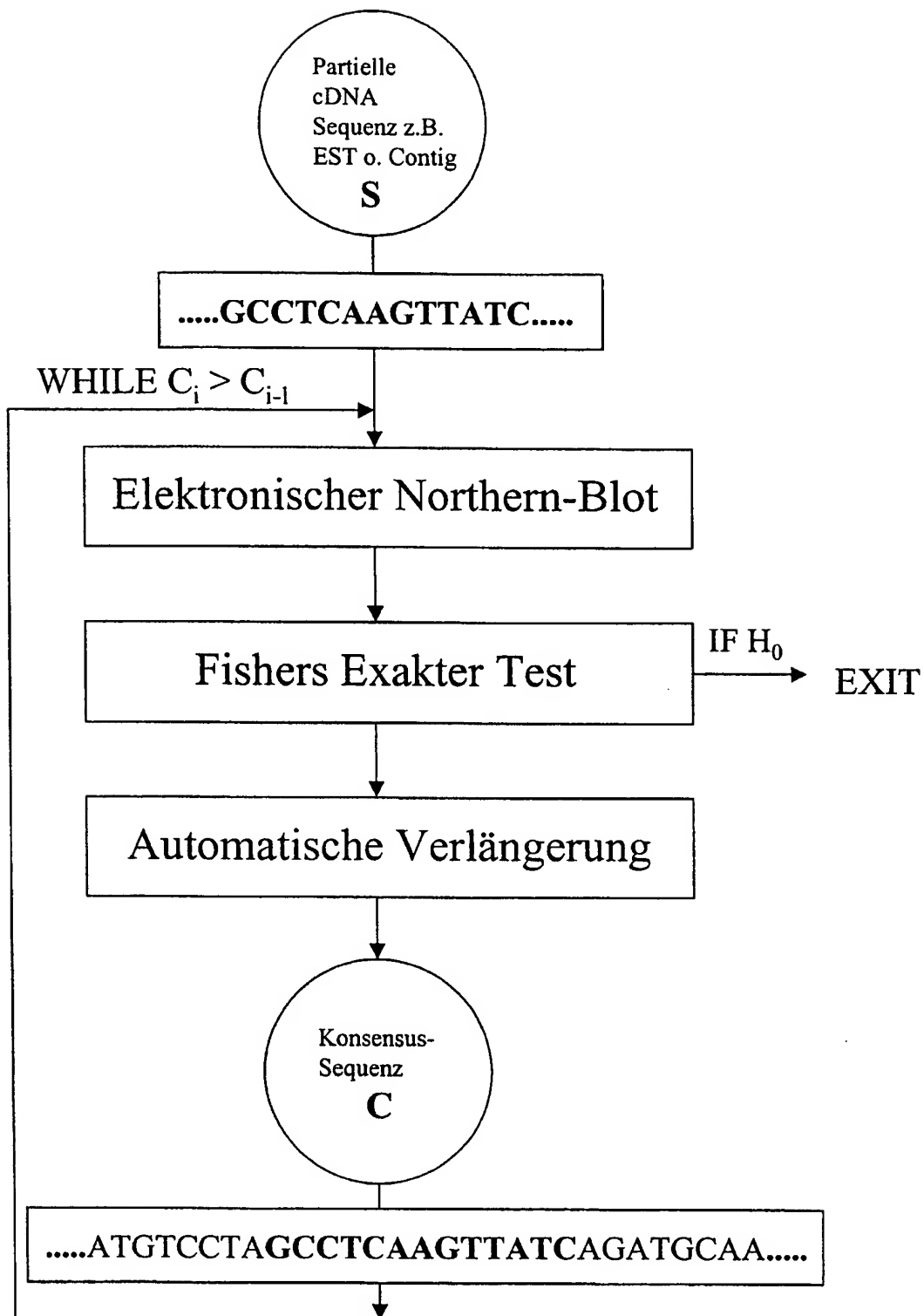


Fig. 4b

10/10

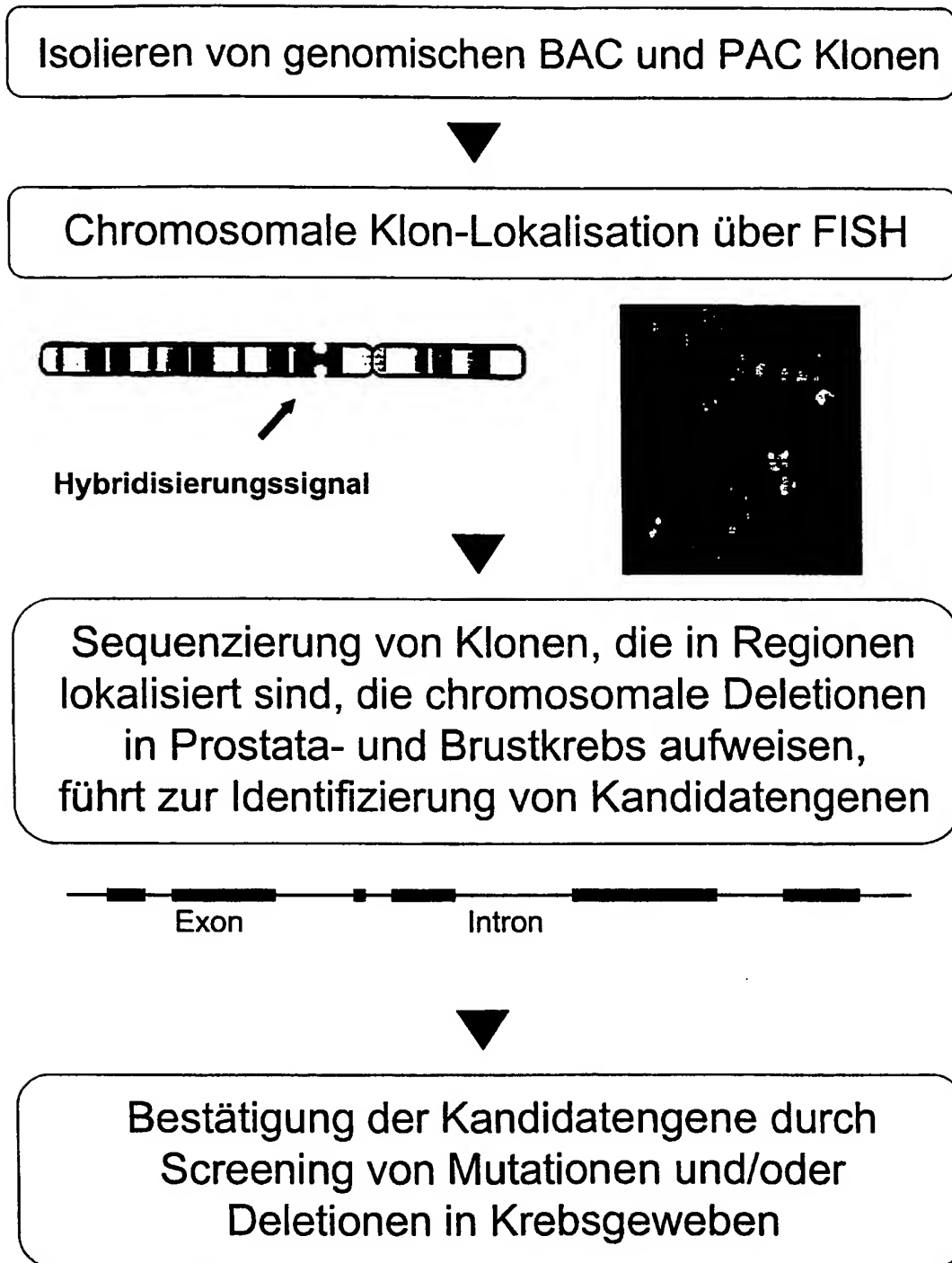


Fig. 5